

DIU-52-kol-11-18

**LAPORAN PENELITIAN  
KELOMPOK KOMPETITIF 2011  
PENELITIAN PENGEMBANGAN  
DISIPLIN ILMU UMUM (DIU)**

**IDENTIFIKASI POLA KHAS SPEKTRA INFRA  
MERAH PROTEIN KULIT, KIKIL DAN RAMBAK  
BABY DAN SAPI**



ARI KUSUMASSTUTI, M.Pd  
HIMMATUL BARROROH, M.Si  
ABDUL HAKIM, S. Si

LEMBAGA PENELITIAN DAN PENGEMBANGAN  
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI MAULANA MALIK  
IBRAHIM MALANG  
DESEMBER, 2011

# **BAB I**

## **PENDAHULUAN**

### **1 LATAR BELAKANG PENELITIAN**

Perkembangan pola konsumsi dewasa ini menunjukkan adanya praktek pencampuran makanan yang sangat massif. Hal-hal yang sering dilakukan adalah dengan memberikan bahan-bahan aditif bukan nutrisi, membuat makanan artifisial, mencampur bahan utama makanan demi murahnya ongkos produksi, bahkan sampai mengganti bahan makanan dengan bahan lain yang mirip. Salah satu contoh kejadian yang baru-baru ini diungkap adalah diperjualbelikannya kikil dan rambak yang merupakan produk turunan kulit dari bahan kulit babi yang diklaim sebagai berasal dari kulit sapi. Praktek-praktek ini berbahaya, tidak hanya dari segi kesehatan, kaburnya asal-usul makanan, bahkan menyuburkan praktek penipuan, dan mengaburkan kehalalan suatu produk makanan. Terjaminnya informasi yang benar, kehalalan dan kelayakan makanan yang dikonsumsi masyarakat merupakan tanggungjawab ulil amri, dan penyediaan metode yang baik dan sesuai

kebutuhan merupakan tugas akademisi sebagai ibadah fardlu kifayah.

Adanya kandungan komponen bahan makanan yang mengandung babi dalam bahan dan produk pangan dapat diidentifikasi melalui lemak, protein maupun DNA. Protein merupakan bahan pembangun sel, seluruh organ tubuh makhluk hidup tersusun atas protein, karena itu identifikasi protein dapat digunakan untuk mengidentifikasi seluruh organ makhluk hidup termasuk kulit. Metode yang selama ini dikembangkan untuk uji keberadaan daging babi pada berbagai produk melalui identifikasi protein khususnya meliputi metode High Performance Liquid Chromatography (HPLC) (Boes, 2000) dan Elektroforesis (Aning, 2005), sementara uji DNA babi harus dilakukan dengan bantuan alat PCR (Polymerase Chain Reaction) (Boes, 2000).

Metode baru yang mulai dikembangkan sejak 2003 sampai sekarang yaitu menggunakan metode FTIR. Ditemukan adanya kekhasan vibrasi dari spektra infra merah pada bilangan gelombang  $1680-1695\text{ cm}^{-1}$  dan  $1075-1090\text{ cm}^{-1}$  pada sampel protein daging babi berbeda dengan protein daging sapi (Barroroh, 2009), merupakan

indikasi awal bahwa metode FTIR ini dapat memberikan harapan untuk dapat dikembangkan sebagai metode identifikasi yang bersifat cepat, sederhana, mudah dan relative murah, tanpa melalui tahap preparasi kimia basah (*wet chemistry*) yang rumit. Oleh karena itu pada penelitian ini akan dilanjutkan kajian karakteristik pola vibrasi molekuler khas protein kulit babi dan produk turunannya serta kulit sapi dan produk turunannya dari data spektra FTIR dengan bantuan analisa data menggunakan metode *Second Derivative* (2D).

## **2 RUMUSAN MASALAH PENELITIAN**

Dalam penelitian ini, masalah penelitian dapat dirumuskan sebagai berikut:

1. Apakah terdapat sifat vibrasi molekuler khas protein kulit babi dan produk turunannya yang tidak terdapat pada protein kulit sapi dan produk turunannya?
2. Apa jenis vibrasi molekuler khas yang terdapat pada protein kulit babi dan produk turunannya tersebut?

3. Bagaimanakah validitas metode second derivative diuji dengan metode interpolasi dan JST.

### **3 BATASAN MASALAH**

Penelitian ini dibatasi pada pemilihan sampel kulit babi dan sapi serta produk turunanya yang bersifat murni, bukan produk campuran antara kulit babi dan sapi. Produk turunan yang dimaksud adalah kikil dan rambak. Pengolahan kikil dan rambak mengikuti cara pengolahan tradisional yang digunakan di masyarakat. Waktu penelitian di lapangan diperkirakan selama 2 bulan.

### **4 SIGNIFIKANSI PENELITIAN**

Protein terdapat pada seluruh bagian makhluk hidup mulai rambut/bulu, kulit, daging, tulang, organ dalam sampai cairan darah. Kulit dan tulang hewan ternak baik sapi ataupun babi dapat diolah menjadi gelatin, bahan pelembut es krim. Daging sisa (*tetelan*) berasal dari *mince pork* (daging babi giling) ataupun sapi dapat difraksinasi menjadi isolat-isolat protein seperti *salt soluble protein* (SSP), *insoluble myofibrillar protein* (IMP) dan *connective tissue protein* (CTP) yang masing-

masing mempunyai sifat fungsional tertentu yang telah digunakan pada pembuatan sosis. Bulu atau rambut juga dapat diisolasi golongan sisteinnya sebagai perisa (*flavor*) daging untuk makanan instant. Organ dalam misalnya hati babi sering digunakan sebagai campuran sosis. Demikian juga darah babi dapat digunakan sebagai pasta untuk sosis. Jadi penggunaan bagian tubuh babi yang amat luas itu semuanya berbasis protein, Identifikasi berbasis lemak babi saja saat ini sudah kurang mencukupi untuk identifikasi kontaminasi babi pada berbagai produk, sehingga harus terdapat suatu metode identifikasi kehadirannya berbasis pada protein.

Penelitian ini merupakan penelitian lanjutan dalam upaya memberikan terobosan baru dalam uji identifikasi protein khas dari produk-produk berbahan babi, melalui metode yang diharapkan bersifat cepat, mudah, sederhana dan murah. Metode yang diusulkan adalah dengan menggunakan teknik Spektrofotometri Infra Merah, dengan pengolahan data lanjut menggunakan metode turunan kedua atau *second derivative* (2D). Metode 2D ini berusaha mempertajam puncak spektra dan memberikan resolusi yang lebih jelas

untuk puncak-puncak yang mungkin bertumpukan. Penelitian ini merupakan rangkaian penelitian perolehan metode uji kehalalan produk yang utuh, valid dan operatif, pada tahap ini sampel yang dipilih adalah kulit babi dan sapi serta produk turunannya, yaitu kikil dan rambak.

Kehadiran protein khas pada daging babi mentah yang tidak terdapat pada daging sapi yang telah ditemukan pada penelitian Barroroh (2009), memberikan kemungkinan terdapatnya sifat vibrasi molekuler yang khas dari protein kulit babi dan produk turunannya yang tidak terdapat pada kulit sapi. Oleh karena itu pada penelitian ini akan dikaji karakteristik vibrasi molekuler khas protein kulit babi dan produk turunannya dan protein kulit sapi serta produk turunannya dari data spektra FTIR dengan bantuan analisa data menggunakan metode *Second Derivative* (2D).

## **BAB II**

### **KAJIAN PUSTAKA**

#### **2.1. KAJIAN RISET SEBELUMNYA**

Delwiche, et al., (2007) telah berhasil mengukur jumlah protein glicinin dan  $\beta$ -conglycinin yang terdapat pada biji kedelai menggunakan Near Infra Red Spectroscopy (NIR), sampai pada batas screening. Sebelumnya protein ini biasa dipisahkan dengan melalui metode ultrasentrifugasi dan elektroforesis.

Telah dikembangkan pula metode pengukuran kuantitatif asam lemak *trans* baru yang cepat melalui pengukuran ketinggian pita absorpsi asam lemak *trans* pada  $966\text{ cm}^{-1}$  menggunakan metode turunan kedua atau *second derivative* (2D). Metode ini berhasil mengidentifikasi dan memisahkan adanya interferensi pita pada  $962\text{-}956\text{ cm}^{-1}$  milik lemak jenuh pada pita asam lemak *trans* pada  $966\text{ cm}^{-1}$ . Keberhasilan pemisahan pita interferensi ini dapat meningkatkan sensitivitas dan akurasi penentuan asam lemak *trans* pada konsentrasi rendah ( $\leq 0.5\%$  dari lemak total) (Mossoba, et al, 2007).



Spektra infra merah lemak babi (*lard*) telah diidentifikasi (Jaswir, 2006). Spektra tidak menunjukkan spektra melebar dengan dua puncak pada  $3400\text{-}3500\text{ cm}^{-1}$  yang merupakan khas vibrasi dasar stretching N-H, hal ini karena lemak memang tidak mengandung ikatan N-H. Spektra menunjukkan puncak yang jelas pada sekitar  $3009\text{-}3000$ ,  $1119\text{-}1096$ , dan  $968\text{-}966\text{ cm}^{-1}$  yang merupakan beberapa varian stretching C-H.

Hasil penelitian Barroroh (2009), tentang identifikasi pola spektra infra merah khas protein daging babi dan sapi mentah menunjukkan bahwa vibrasi molekuler khas protein daging babi mentah muncul pada turunan kedua spektra IR pada bilangan gelombang  $1680\text{-}1695\text{ cm}^{-1}$  dan  $1075\text{-}1090\text{ cm}^{-1}$ .

## **2.2. KERANGKA TEORI**

### **2.2.1. Makanan yang diharamkan**

*"Sesungguhnya Allah hanya mengharamkan bagimu bangkai, darah, daging babi, dan binatang yang (ketika disembelih) disebut nama selain Allah. Tetapi*

*barangsiapa dalam keadaan terpaksa (memakannya) sedang ia tidak menginginkannya dan tidak (pula) melampaui batas, maka tidak ada dosa baginya. Sesungguhnya Allah Maha Pengampun lagi Maha Penyayang (QS. Al-Baqarah:173).*

Dari ayat di atas jelaslah bahwa makanan yang diharamkan pada pokoknya ada empat:

- Bangkai: yang termasuk ke dalam kategori bangkai ialah hewan yang mati dengan tidak disembelih, termasuk kedalamnya hewan yang matinya tercekik, dipukul, jatuh, ditanduk dan diterkam oleh hewan buas, kecuali yang sempat kita menyembelihnya (QS. Al-Maaidah:3).
- Darah, sering pula diistilahkan dengan darah yang mengalir (QS. Al-An'aam:145).
- Daging babi. Kebanyakan ulama sepakat menyatakan bahwa semua bagian babi yang dapat dimakan haram, sehingga baik dagingnya, lemaknya, tulangnya, termasuk produk-produk yang mengandung bahan tersebut, termasuk

semua bahan yang dibuat dengan menggunakan bahan-bahan tersebut sebagai salah satu bahan bakunya.

- Binatang yang ketika disembelih disebut nama selain Allah. Menurut HAMKA, ini berarti juga binatang yang disembelih untuk yang selain Allah (penulis mengartikan di antaranya semua makanan dan minuman yang ditujukan untuk *sesajian*). Tentu saja semua bagian bahan yang dapat dimakan dan produk turunan dari bahan ini juga haram seperti berlaku pada babi.

Di samping keempat kelompok makanan yang diharamkan tersebut, terdapat pula kelompok makanan yang diharamkan karena sifatnya yang buruk seperti dijelaskan dalam Al Qur'an Surat Al-A`raaf:157 .....*dan menghalalkan bagi mereka segala hal yang baik dan mengharamkan bagi mereka segala hal yang buruk.....* Apa-apa saja yang buruk tersebut agaknya dicontohkan oleh Rasulullah dalam beberapa Hadits, di antaranya Hadits Ibnu Abbas yang dirawikan oleh Imam Ahmad dan Muslim dan Ash Habussunan: *Telah melarang*

*Rasulullah saw memakan tiap-tiap binatang buas yang bersaing (bertaring, penulis), dan tiap-tiap yang mempunyai kuku pencengkraman dari burung. Sebuah Hadits lagi sebagai contoh, dari Abu Tsa'labah: Tiap-tiap yang bersaing dari binatang buas, maka memakannya adalah haram* (perawi Hadits sama dengan Hadits sebelumnya).

Ada pula Imam yang tidak mengkategorikan makanan-makanan haram yang dijelaskan dalam Hadits sebagai makanan haram, tetapi hanya makruh saja. Pendapat ini dipegang oleh mazhab Maliki. Akan tetapi, dengan menggunakan *common sense* saja agaknya sudah dapat dirasakan penolakan untuk memakan binatang-binatang seperti binatang buas: singa, anjing, ular, burung elang, dsb. Oleh karena itu, barangkali pendapat Mazhab Syafi'i lah yang lebih kuat yang mengharamkan makanan yang telah disebutkan di atas.

Ada pula pendapat yang mengatakan hewan yang hidup di dua air haram, yang menurut mereka didasarkan pada Hadits. Sayangnya, sampai saat ini penulis hanya

dapat menemukan pernyataan keharaman makanan tersebut di buku-buku fiqih tanpa dapat berhasil menemukan sumber Haditsnya yang jelas selain dari satu Hadits yang terdapat dalam kitab Bulughul Maram: *Dari `Abdurrahman bin `Utsman Al-Qurasyis-yi bahwasanya seorang tabib bertanya kepada Rasulullah saw tentang kodok yang ia campurkan di dalam satu obat, maka Rasulullah larang membunuhnya* (Diriwayatkan oleh Ahmad dan disahkan oleh Hakim dan diriwayatkan juga oleh Abu Dawud dan Nasa'i). Dari Hadits tersebut, dapat diinterpretasikan bahwa larangan membunuh kodok sama dengan larangan memakannya. Akan tetapi larangan terhadap binatang lainnya yang hidup di dua air seperti kodok tentulah tidak secara tegas dinyatakan dalam Hadits tersebut, mungkin itu hanya hasil qias saja. Dengan demikian, kebenaran pendapat tersebut sangat bergantung pada kebenaran sumber hukumnya. Jika Hadits yang menyatakan hal tersebut memang ada, jelas maksudnya dan sah, maka kita hanya dapat mengatakan *sami`na wa atho`na* (kami dengar dan kami taati) (Apriyantono, 2009).

### **2.2.2. Perkembangan Produk Olahan Hewani yang Rawan Terkontaminasi Protein Babi**

Ada dua istilah yang sering digunakan untuk menunjukkan bahwa bahan tersebut adalah daging babi yaitu *ham* dan *bacon*. *Ham* yaitu daging babi bagian belakang, sedangkan *bacon* adalah iga babi asap. Secara umum daging babi memiliki lapisan lemak yang tebal dengan serat yang cukup halus. Akan tetapi, tidak mudah membedakan antara daging babi dengan daging sapi muda, keduanya sangat mirip, apalagi jika keduanya bercampur.

Di negara Barat dikenal juga apa yang disebut dengan *ham* sapi, ini berarti bagian paha belakang daging sapi, juga ada *beef bacon* (iga asap daging sapi). Istilah ini kemudian ada juga yang menirunya di Indonesia, padahal seperti telah dibahas sebelumnya, masalah nama ini sangat penting karena kalau kita biarkan nama-nama barang yang haram bercampur dengan nama-nama barang yang halal, dikhawatirkan akan menjadi rancu dan

tidak jelas lagi mana yang halal dan mana yang haram, di samping itu jika kita memperkenalkan nama barang haram pada barang yang halal, maka hal ini dapat mendekatkan kita kepada mencintai barang yang haram tersebut. Oleh karena itu penggunaan istilah-istilah *ham* dan *bacon* untuk daging yang halal seharusnya tidak diperkenankan

Banyak sekali produk olahan hewani (selain ikan, telur dan susu olahan) ini, di antaranya: sosis, daging kaleng (kornet), salami, *meat loaf*, *steak*, dendeng (hati-hati sekarang sudah diproduksi dendeng babi di Indonesia, hanya saja penulis tidak mengetahui dengan pasti apakah produk ini khusus untuk impor atau juga beredar di Indonesia), dll. Dengan demikian, kehalalan produk olahan ini tidak hanya bergantung pada bahan utamanya saja (dagingnya), akan tetapi sangat bergantung kepada bahan tambahan yang digunakan dalam pembuatan produk olahan tersebut. Dari semua jenis produk olahan hewani tersebut, yang termasuk paling rawan dari segi kehalalannya ialah sosis.

Penamaan sosis menjadi lebih kompleks untuk produk-produk *pate* atau dapat diterjemahkan sebagai sosis pasta atau sosis pasta hati. Masalah dengan penamaan sosis pasta ini yaitu seringkali nama tidak menggambarkan kandungan yang sebenarnya. Sebagai contoh, sosis pasta sapi tidak hanya mengandung bahan-bahan dari sapi saja tetapi dapat hatinya berasal dari babi, begitu juga lemaknya (lihat Tabel 1). Sebagai informasi, hati babi lebih disukai dari hati sapi karena hati sapi rasanya pahit.

**Tabel 2.1.** Contoh nama yang tidak menjamin kandungan yang sebenarnya\*

Nama Produk	Bahan Baku
Sosis sapi	daging sapi lemak (bisa sapi atau hewan lainnya) tetelan babi
Pasta hati angsa	hati angsa daging babi lemak babi atau angsa
Pastahati unggas umumnya (ayam, kalkun,	daging babi daging unggas lemak (bisa babi atau hewan lainnya)



angsa)	hati (bisa hati unggas, bisa juga hati babi) jantung unggas, dll
--------	---

\*Wihelm (1987)

Kulit babi, di samping diolah langsung menjadi bahan sejenis sosis yang transparan, juga sebagian besar diproses lebih lanjut menjadi gelatin. Perlu diketahui, pada prinsipnya gelatin dapat dibuat dari bahan yang kaya akan kolagen seperti kulit dan tulang baik dari babi maupun sapi. Akan tetapi, apabila dibuat dari kulit dan tulang sapi, prosesnya lebih lama dan memerlukan air pencuci/penetral (bahan kimia) yang lebih banyak, sehingga kurang berkembang. Akan tetapi, sekarang gelatin sapi pun sudah mulai di produksi di negara-negara muslim karena kebutuhannya semakin mendesak untuk menggantikan gelatin dari babi.

Dari cara pembuatannya, ada dua jenis gelatin yaitu gelatin tipe A dan tipe B. Gelatin tipe A adalah gelatin yang umumnya dibuat dari kulit hewan muda (terutama babi), sehingga proses pelunakannya dapat

dilakukan dengan cepat yaitu dengan sistim perendaman dalam larutan asam (A=acid). Gelatin tipe B adalah gelatin yang diolah dari bahan baku yang keras seperti dari hewan tua dan tulang, sehingga proses perendamannya perlu lama dan larutan yang digunakan yaitu larutan basa (B=base). Oleh karena itu, keliru jika orang menganggap B adalah singkatan dari *Beef* (sapi).

Penggunaan gelatin sangat luas, bukan hanya pada produk pangan, tetapi juga pada produk farmasi dan kosmetika (lihat Tabel 2). Hal ini dikarenakan gelatin bersifat serba bisa, yaitu bisa berfungsi sebagai bahan pengisi, pengemulsi (*emulsifier*), pengikat, pengendap, pemerkaya gizi, sifatnya juga luwes yaitu dapat membentuk lapisan tipis yang elastis, membentuk film yang transparan dan kuat, kemudian sifat penting lainnya yaitu daya cernanya yang tinggi.

**Tabel 2.2.** Contoh-contoh produk yang biasa menggunakan gelatin (*perlu diketahui bahwa fungsi gelatin pada produk pangan olahan pada kebanyakan kasus dapat digantikan dengan bahan lain, jadi untuk produk-produk yang disajikan dalam tabel tidak berarti pasti mengandung gelatin, hanya mungkin mengandung gelatin, untuk memastikannya diperlukan pemeriksaan yang teliti, dengan demikian produk yang sudah diteliti dan disertifikasi oleh LP-POM MUI misalnya, tentunya telah terjamin kehalalannya*).

Jenis Produk	Fungsi dan contoh produk
Produk pangan secara umum	sebagai zat pengental, penggumpal, membuat produk menjadi elastis, pengemulsi, penstabil, pembentuk busa, menghindari sineresis, pengikat air, memperbaiki konsistensi, pelapis tipis, pemer kaya gizi.
Daging olahan	Untuk meningkatkan daya ikat air, konsistensi dan stabilitas produk sosis, kornet, <i>ham</i> , dll.
Susu olahan	Untuk memperbaiki tekstur, konsistensi dan stabilitas produk dan menghindari sineresis pada yoghurt, es krim, susu asam, keju cottage, dll.
<i>Bakery</i>	Untuk menjaga kelembaban produk, sebagai perekat bahan pengisi pada roti-rotian, dll.

Minuman	Sebagai penjernih sari buah (juice), bir, dan <i>wine</i> .
Buah-buahan	Sebagai pelapis (melapisi pori-pori buah sehingga terhindar dari kekeringan dan kerusakan oleh mikroba) untuk menjaga kesegaran dan keawetan buah.
Farmasi	Pembungkus kapsul atau tablet obat.
Film	Membuat film menjadi lebih sensitif, sebagai pembawa dan pelapis zat warna film.
Kosmetika (khususnya produk-produk emulsi)	Digunakan untuk menstabilkan emulsi pada shampoo, penyegar dan pelindung kulit ( <i>lotion/cream</i> ), sabun (terutama yang cair), lipstik, cat kuku, busa cukur, krim pelindung sinar matahari, dll.

Selain kulit, daging sisa juga masih dapat diolah. Pada proses *deboning* (penghilangan tulang dari daging) masih cukup banyak daging yang menjadi limbah, demikian juga dari hasil pemotongan daging, seringkali masih tersisa daging yang masih dapat dimanfaatkan lebih lanjut. Telah dilaporkan bahwa daging sisa tersebut dapat difraksinasi menjadi isolat-isolat protein seperti

*salt soluble protein* (SSP), *insoluble myofibrillar protein* (IMP) dan *connective tissue protein* (CTP) yang masing-masing mempunyai sifat fungsional tertentu yang telah digunakan pada pembuatan sosis. Isolat protein tersebut dapat pula berasal dari *mince pork* (daging babi giling). Di samping itu, daging sisa ini dapat dibuat menjadi ekstrak daging (*meat extract*) yang dapat digunakan untuk pembuatan perisa (flavor) daging. Sayangnya, penulis belum mengetahui dengan pasti apakah ekstrak daging ini telah dipasarkan secara komersil dan digunakan dalam pengolahan pangan. Walaupun demikian, tidak tertutup kemungkinan bahwa di masa datang produk tersebut menjadi bagian dari makanan olahan yang kita konsumsi sehari-hari. Ada pula yang disebut dengan *meat protein concentrate* (konsentrat protein daging) yang dibuat dari daging sisa. Selain itu ada pula protein hidrolisat yang dibuat dari kepala ayam dan digunakan untuk ingredien sosis, suplemen pada sup, minuman dan produk *bakery*. Di Jerman telah dibuat hidrolisat protein kolagen (biasanya dari tulang) yang digunakan pada *pate*, *spread* dan *ready meals* (Apriyantono, 2009)

### **2.2.3. Kulit Sebagai Sumber Protein**

Kulit secara umum mengandung air, protein, lemak, mineral. Misalnya kulit kaki ayam memiliki komposisi kimia sebagai berikut : kadar air 65,90%, protein 22,98%, lemak 5,60%, kadar abu 3,49% dan lain-lain 2,03%. Dari komposisi di atas jelas terlihat bahwa kandungan protein kulit cakar ayam tidak terpaut jauh dengan kandungan protein kulit ternak lainnya yang berkisar 25-30%. Kadar protein kulit cakar ayam masih dapat menghasilkan kulit samak yang berkualitas baik karena memiliki kadar protein 22,98%, sedangkan standar protein untuk kulit samak yaitu kurang lebih 23%.



**Gambar 1. Kulit hewan**

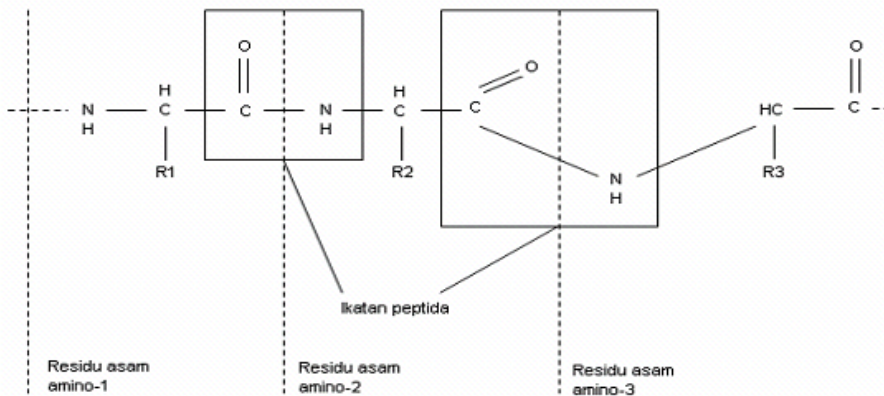
Kerupuk yang terbuat dari olahan kulit sapi didapatkan pada kerupuk kulit yang mengandung protein antara 80,01 g – 82,91 g per 100 g. Satu hal menarik mengenai nilai gizi kerupuk dapat dikemukakan tentang kadar lemaknya setelah digoreng yang meningkat sampai 20–30 kali.

#### **2.2.4. Protein**

Kata protein berasal dari Protos atau Proteus yang berarti pertama atau utama (Poedjiaji, 1994). Menurut Wirahadikusumah (1977), protein merupakan komponen utama semua sel hidup. Fungsinya terutama ialah sebagai unsur pembentuk struktur sel, misalnya dalam rambut, kalogen, juga berfungsi sebagai protein aktif, misalnya enzim, yang berperan sebagai katalis segala proses biokimia dalam sel.

Telah diketahui bahwa beberapa molekul asam amino dapat berikatan satu dengan yang lain membentuk suatu senyawa yang disebut peptida. Ikatan peptida

merupakan ikatan antara gugus alfa karboksil dari asam amino yang satu dengan gugus alfa amino dari asam amino yang lainnya. Protein ialah suatu polipeptida yang terdiri atas lebih dari seratus asam amino (Wirahadikusumah, 1977).



Gambar 1. Asam Amino Pembentuk Protein

Protein terbagi dalam beberapa tingkat struktur, yaitu struktur primer, struktur skunder, struktur tersier dan kuartener. Struktur primer protein dibentuk oleh ikatan-ikatan peptida yang kovalen. Struktur primer protein adalah struktur kovalen dan



urutan sederhana residu asam amino dalam rantai polipeptida, yang berbentuk linier. Penulisan struktur primer suatu protein dengan berlangsung dari ujung-N ke ujung-C kiri ke kanan (Page, 1997).

Semua asam amino yang ditemukan dalam protein mempunyai ciri yang sama, yaitu adanya gugus karboksil dan gugus amino yang diikat pada atom karbon yang sama. Ke 20 asam amino yang terdapat dalam protein sering kali dipandang sebagai asam amino baku atau utama, dimana masing-masing asam amino berbeda rantai sampingnya atau gugus R yang bervariasi dalam struktur. Berdasarkan gugus R yang dimiliki, terdapat empat golongan asam amino yaitu golongan R nonpolar, R polar tidak bermuatan, R bermuatan negatif, dan R bermuatan positif (Lehninger, 1982).

#### **2.2.4.1 Sifat-Sifat Protein**

##### **2.2.4.1.1 Ionisasi**

Sifat asam basa dari protein dalam larutan, sebagian besar ditentukan oleh gugus R asam aminonya

yang dapat berionisasi. Gugus  $\text{NH}_2$  dan  $\text{COOH}$  yang terdapat pada kedua ujung rantai polipeptida sedikit sekali menunjang sifat asam basa protein tersebut. Sama seperti asam amino, protein juga mempunyai titik isoelektrik, yaitu pada pH yang menunjukkan jumlah muatan positif dan negatif sama. Pada pH ini protein tidak akan bergerak bila diletakkan dalam medan listrik (Wirahadikusumah, 1977).

#### **2.2.4.1.2 Denaturasi Protein**

Beberapa jenis protein sangat peka terhadap perubahan lingkungannya.

Apabila konformasi molekul berubah, misalnya oleh perubahan suhu, pH atau karena terjadinya suatu reaksi dengan senyawa lain, ion-ion logam, maka aktivitas biokimiawinya akan berkurang. Perubahan konformasi alamiah menjadi suatu konformasi yang tidak menentu merupakan suatu proses yang disebut denaturasi. Proses denaturasi ini kadang-kadang dapat berlangsung secara reversibel, kadang-kadang tidak. Penggumpalan protein biasanya didahului oleh proses denaturasi yang berlangsung dengan baik pada titik isolistrik protein

tersebut (Poedjiadi, 1994). Protein akan mengalami koagulasi apabila dipanaskan pada suhu 50°C atau lebih. Koagulasi ini hanya terjadi apabila larutan protein berada pada titik isolistriknya. Protein yang terdenaturasi pada titik isolistriknya masih dapat larut pada pH di luar titik isolistrik tersebut (Poedjiadi, 1994). Penambahan pelarut organik tertentu, seperti etanol dan aseton ke dalam larutan protein akan menyebabkan berkurangnya kelarutan dan akan memungkinkan terjadinya pengendapan (Wirahadikusumah, 1977).

#### **2.2.5. Identifikasi Protein Khas Babi**

Metoda kromatografi cairan kinerja tinggi (KCKT) telah digunakan untuk analisis protein daging babi mentah yang tercampur dengan daging sapi menggunakan fasa diam C<sub>4</sub> (Hi-Pore RP-304, Biorad) dengan fasa gerak A 0,1 % asam trifloroasetat dan pelarut B asetonitril/aquabidest/asam trifloroasetat (95:5:0,1) dan deteksi pada 280 nm. Dan analisis kualitatif, komponen khas yang hanya dimiliki oleh babi mempunyai retensi relatif 1,74 – 1,77. Untuk perhitungan kuantitatif dibuat kurva standar, hubungan antara luas

komponen khas babi dan jumlah daging babi yang ditambahkan ke dalam daging sapi. Dari kurva diperoleh garis lurus dengan koefisien korelasi 0,9823 untuk sampel daging babi dan 0,9852 untuk sampel daging sapi. Metoda KCKT yang dikembangkan dapat menganalisis babi yang tercampur sapi hingga 1 %, akan tetapi perhitungan kuantitatif lebih akurat pada jumlah babi diatas 5 % dengan koefisien korelasi di bawah 3 %. Karena metoda KCKT hanya dapat menganalisis protein dari daging yang segar, maka protein dari daging yang sudah matang dapat dianalisis melalui uji DNA yang sudah diamplifikasi oleh PCR dengan teknik elektroforesis. Hasil amplifikasi DNA babi, serta campuran babi dan sapi menunjukkan adanya satu pita yang mempunyai ukuran sekitar 2 kb, sedangkan DNA sapi yang sudah diamplifikasi tidak menunjukkan pita yang jelas pada agarose gel (Boes, E., 2000).

Telah pula dilakukan penelitian analisis adanya protein daging babi menggunakan elektroforesis SDS-PAGE (Sodium Dodecyl Sulfat-Polyacrylamide Gel Electrophoresis) dengan sistem buffer diskontinyu. Dengan menggunakan teknik pemisahan elektroforesis

SDS-PAGE maka adanya perbedaan di dalam komposisi protein akan menghasilkan pemisahan dalam bentuk pita protein dengan berat molekul yang berbeda, dengan demikian bisa dicari pita protein pembeda tersebut. Dari hasil penelitian untuk identifikasi protein daging sapi dan babi daging mentah ditemukan beberapa pita protein yang menjadi pita protein pembeda. Pada daging babi mentah ditemukan pita protein pembeda yang tidak ditemukan pada daging sapi pada Rf 0,0885; 0,1435; 0,296 dan 0,6825 dengan berat molekul berturut-turut 54,71 kD; 46,64 kD; 29,96 kD dan 9,76 kD. Sedangkan pada sapi ditemukan pita protein pembeda yang tidak ditemukan pada babi pada Rf 0,0965 dengan berat molekul 53,46 kD dan Rf 0,827 dengan berat molekul 6,42 kD. Untuk campuran daging sapi dan daging babi dengan perbandingan 50:50 % belum nampak adanya perbedaan pita protein yang muncul, hal ini terjadi karena konsentrasinya terlalu kecil sehingga intensitas pita protein yang muncul kecil sehingga tidak terlihat. Pada daging yang sudah direbus tidak bisa diidentifikasi dengan menggunakan elektroforesis SDS-PAGE karena proteinnya sudah terdenaturasi (Purwaningsih, A., 2005).

Upaya Identifikasi Daging Babi pada Bakso melalui Karakterisasi Fraksi Protein dengan Menggunakan SDS PAGE juga dilakukan oleh kelompok peneliti pemenang LKTI PIMNAS tahun 2005 yang dipimpin oleh Edy Susanto. Sampel yang diteliti adalah: daging babi dan daging sapi segar; daging babi dan sapi masing-masing direbus pada suhu 90 derajat Celcius selama 15 menit; bakso dengan kandungan: 100 persen daging sapi , 25 persen daging babi + 75 persen daging sapi, 50 persen daging babi + 50 persen daging sapi, dan terakhir adalah 100 persen daging babi. Hasil penelitian menunjukkan bahwa pada daging babi segar terdapat protein tak diketahui dengan berat molekul 112,13 KDa yang tidak terdapat pada sampel daging sapi segar. Pemanasan pada suhu 90 derajat Celcius selama 15 menit menyebabkan penurunan pada ketebalan pita-pita protein pada masing-masing sampel. Daging babi rebus mempunyai ciri spesifik yaitu terdapatnya protein desmin yang tidak terdeteksi pada daging sapi rebus. Masih menurut Edi Susanto dkk, perbedaan berikutnya adalah tidak terdapatnya protein tropomiosin 1 pada daging babi rebus, tetapi protein tersebut terdeteksi pada daging sapi.

Selanjutnya, menurut pendapat Edy Susanto dkk, perbedaan spesifik pada bakso daging sapi adalah adanya protein troponin T yang terdapat dalam jumlah banyak, sedangkan pada tingkat pencampuran daging babi pada bakso sapi 25 persen, 50 persen, dan 100 persen protein tersebut terdeteksi sedikit. Dengan demikian adanya pencampuran daging babi pada bakso dapat dilihat dari tingkat ketebalan pita protein troponin T yang semakin menurun dengan kenaikan jumlah daging babi yang ditambahkan (Susanto, E. dkk, 2005).

#### **2.2.6. Spektroskopi Infra Merah**

Spektrofotometri infra merah sangat penting dalam kimia modern, terutama dalam kimia organik. Spektrofotometri infra merah merupakan alat untuk mendeteksi gugus fungsional, mengidentifikasi senyawa, menganalisis campuran (Underwood, 2002). Spektroskopi infra merah atau infrared spectroscopy (IR) mempunyai daerah radiasi pada bilangan gelombang  $12800\text{-}10\text{ cm}^{-1}$ , atau pada panjang gelombang  $0,78\text{-}1000\text{ }\mu\text{m}$ . Daerah radiasi IR terbagi dalam tiga bagian yaitu daerah IR dekat ( $12800\text{-}4000\text{ cm}^{-1}$  ;  $0,78\text{-}2,5\text{ }\mu\text{m}$ ),

daerah IR tengah ( $4000\text{--}200\text{ cm}^{-1}$  ;  $2,5\text{--}50\text{ }\mu\text{m}$  ), dan daerah IR jauh ( $200\text{--}10\text{ cm}^{-1}$  ;  $50\text{--}1000\text{ }\mu\text{m}$ ). Daerah IR yang banyak digunakan untuk berbagai keperluan adalah daerah IR tengah  $4000\text{--}690\text{ cm}^{-1}$  (Kopkar, 1990).

Energi dalam spektroskopi inframerah dibutuhkan untuk transisi vibrasi, maka radiasi inframerah hanya terbatas pada perubahan energi setingkat molekul. Untuk tingkat molekul, perbedaan dalam keadaan vibrasi dan rotasi digunakan untuk mengadsorpsi sinar inframerah. Jadi, untuk dapat mengadsorpsi, molekul harus memiliki perubahan momen dipol sebagai akibat dari vibrasi. Radiasi medan listrik yang berubah-ubah akan berinteraksi dengan molekul dan akan menyebabkan amplitudo salah satu gerakan molekul (Khopkar, 1990).

FTIR merupakan instrumen yang sering digunakan pada saat ini daripada spektroskopi IR dispersive (konvensional) karena teknik analisisnya sangat cepat dan akurat. Pada prinsipnya bentuk spektra yang dihasilkan dari metode spektroskopi IR dispersive dan FTIR ini relatif sama, namun kualitasnya dan cara



memperoleh spektranya yang berbeda. Pengisolasi radiasi pada sistem dispersi menggunakan prisma (gratting), sedangkan pada FTIR menggunakan interferometer yang dikontrol secara otomatis dengan komputer (Hayati, 2007).

Cara penanganan sampel tergantung dari jenis cuplikan yaitu apakah berbentuk gas, cairan dan padatan. Ada tiga cara umum untuk mengolah cuplikan yang berupa padatan yaitu lempeng KBr, mull, dan bentuk film atau lapisan tipis. Lempeng (pellet) KBr dibuat dengan menggerus cuplikan (0,1-2% berat) dengan kalium bromida (KBr) dalam mortar dari batu agate untuk mengurangi kontaminasi yang menyerap radiasi IR dan kemudian dimasukkan ke dalam tempat khusus kemudian di vakum untuk melepaskan air. Campuran dipres beberapa saat (10 menit) pada tekanan 80 Torr (8 hingga 20 ton per satuan luas). Kalium bromida yang digunakan harus kering dan dianjurkan penggerusan dilakukan di bawah lampu inframerah untuk mencegah kondensasi uap air. Kerugian metode pellet KBr adalah sifat KBr yang

hidroskopis hingga sukar memperoleh pelet yang bebas sempurna terhadap kontaminasi air, yang memberikan serapan lebar pada  $3500\text{ cm}^{-1}$  dan sukar mendapat ulangan yang tinggi (Hayati, 2007).

Secara umum digunakan diagram korelasi dalam mengidentifikasi gugus fungsi seperti pada Tabel.3 berikut (Socrates,1994)

Tabel 4. Daftar Korelasi Gugus Fungsi pada Spektra IR

Bilangan Gelombang ( $\text{cm}^{-1}$ )	Intensitas	Jenis Vibrasi
3500 - 3200*	Lebar	Uluran O-H
3500 - 3300	Lemah	Uluran N-H amina sekunder
3000 - 2800	Kuat	Uluran C-H alifatik
2500 - 2000	Lemah	Uluran - C=N alifatik nitril
1650 - 1550	Kuat	Uluran C=O asimetri dari garam asam karboksilat
1600 - 1475*	Sedang-lemah	Uluran C=C dari Aromatik
1465 - 1440	Sedang	CH asimetris dari $\text{CH}_3$
1450 - 1375*	Sedang	Tekukan C-H dari $\text{CH}_3$
1390-1370	Sedang	CH simetris dari $\text{CH}_3$
1320 - 1210*	Kuat	Uluran C-O dari asam karboksilat
1280-1180	Sedang	Uluran C-N amina
1490 - 1150	Sedang	Tekukan H-C-H
1310 - 1020	Lemah	Uluran C-O-C dari eter
1290 - 1000	Sedang-lemah	Tekukan C-H aromatik
770 - 650	Lemah	Tekukan O-H
750 - 600	Sedang	Tekukan N-H
850 - 500	Sedang	Uluran C-C
455 - 405	Sedang-lemah	Tekukan C-N-C amina sekunder
700 - 400**	-	Ikatan M-C
500 - 300**	-	Ikatan M-N

Sumber: Socrates, 1994; \* Sastrohamidjojo ,1992 dan \*\* Brisdon (1998)

Delwiche, et al., (2007) telah berhasil mengukur jumlah protein glicinin dan  $\beta$ -conglycinin yang terdapat

pada biji kedelai menggunakan Near Infra Red Spectroscopy (NIR), sampai pada batas screening. Sebelumnya protein ini biasa dipisahkan dengan melalui metode ultrasentrifugasi dan elektroforesis.

Telah dikembangkan pula metode pengukuran kuantitatif asam lemak *trans* baru yang cepat melalui pengukuran ketinggian pita absorpsi asam lemak *trans* pada  $966\text{ cm}^{-1}$  menggunakan metode turunan kedua atau *second derivative* (2D). Metode ini berhasil mengidentifikasi dan memisahkan adanya interferensi pita pada  $962\text{-}956\text{ cm}^{-1}$  milik lemak jenuh pada pita asam lemak *trans* pada  $966\text{ cm}^{-1}$ . Keberhasilan pemisahan pita interferensi ini dapat meningkatkan sensitivitas dan akurasi penentuan asam lemak *trans* pada konsentrasi rendah ( $\leq 0.5\%$  dari lemak total) (Mossoba, et al, 2007).

### **2.2.7. Metode Second Derivative (2D)**

Derivative dapat digunakan untuk mengumpulkan informasi tentang grafik fungsi. Karena derivative menunjukkan tingkat perubahan dari suatu fungsi, untuk menentukan dimana suatu fungsi naik, kita hanya memeriksa dimana derivativenya positif. Dengan cara

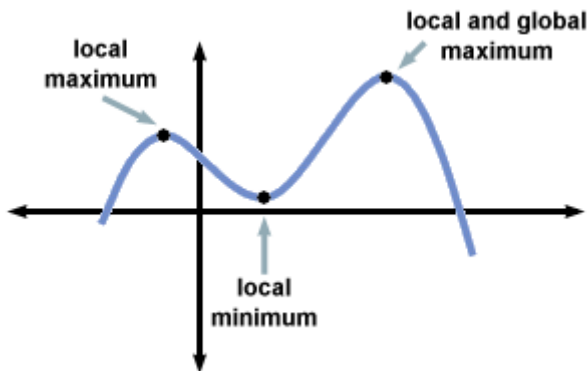
yang sama, untuk menemukan dimana suatu fungsi turun, kita memeriksa dimana derivativenya negatif. Titik dimana derivative sama dengan 0 disebut titik-kritis. Pada titik-titik ini, fungsi itu adalah konstan dan grafiknya horizontal.

### **Pengujian Derivative Pertama**

Minimum lokal (atau maksimum lokal) dari suatu fungsi  $f$  adalah suatu titik  $(x_0, f(x_0))$  pada grafik  $f$  sedemikian hingga  $f(x_0) \leq f(x)$  (atau  $f(x_0) \geq f(x)$ ) untuk semua  $x$  dalam suatu interval yang memuat  $x_0$ . Titik seperti itu disebut sebagai suatu minimum global (atau maksimum global) dari suatu fungsi  $f$  jika ketidaksamaan yang sesuai terpenuhi untuk semua titik-titik di dalam daerah domain. Secara khusus, setiap maksimum global (minimum) adalah juga suatu maksimum lokal (minimum).

Secara intuitif jelas bahwa garis singgung grafik fungsi pada suatu minimum lokal atau maksimum local harus horisontal, sehingga derivativenya di titik itu adalah 0, dan titik tersebut adalah titik-kritis. Oleh karena

itu, untuk menemukan minima (maxima) lokal suatu fungsi, kita harus menemukan semua titik-kritisnya dan memeriksa masing-masing untuk melihat apakah itu merupakan suatu minimum lokal, suatu maksimum lokal, atau bukan. Jika fungsi itu mempunyai suatu minimum global atau maksimum global, maka akan jadi nilai terkecil (atau terbesar) dari minima yang lokal (atau maksima), atau nilai dari fungsi di satu titik akhir dari daerah domain (bila titik-titik seperti itu ada).

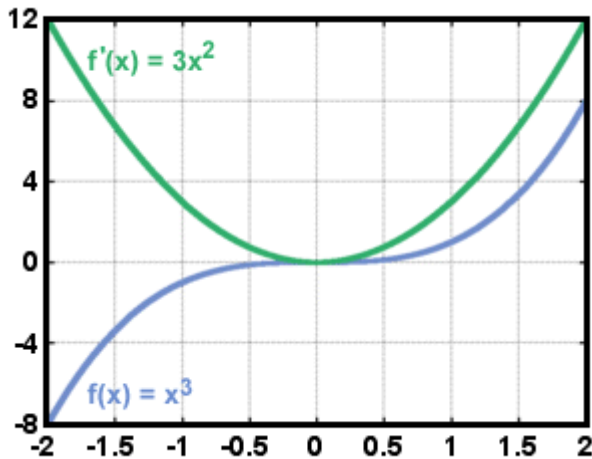


*Gambar : Contoh Titik-titik Ekstrim Global dan Lokal*

Secara jelas, perilaku dekat suatu maksimum lokal adalah fungsi menaik, mendatar, dan mulai

menurun. Oleh karena itu, suatu titik-kritis adalah suatu maksimum lokal jika derivativenya positif hanya untuk titik-titik sebelah kirinya, dan negatif hanya untuk sebelah kanannya. Dengan cara yang sama, suatu titik-kritis adalah suatu minimum lokal jika derivativenya negatif hanya untuk yang yang di sebelah kirinyan dan positif di sebelah kanannya. Sifat-sifat ini secara bersamaan disebut sebagai pengujian derivative pertama untuk maksima dan minima.

Mungkin ada titik-kritis dari suatu fungsi yang bukan maksima lokal atau minima lokal, dimana derivativenya mencapai nilai nol tanpa melintas dari positif ke negatif. Sebagai contoh, fungsi  $f(x) = x^3$  mempunyai suatu titik-kritis pada 0. Derivative  $f'(x) = 3x^2$  adalah nol di titik ini, tetapi di sebarang titik lainnya  $f'$  adalah positif. Fungsi ini dan derivativenya bersifat tergambar pada grafik di bawah ini.



*Gambar: Grafik  $f(x) = x^3$  dan  $f'(x) = 3x^2$*

## Pengujian Derivative Kedua

Begitu kita sudah menemukan titik-kritis, salah satu cara untuk menentukan apakah mereka bersifat minima atau maksima lokal adalah dengan menerapkan pengujian derivative pertama. Cara lainnya yaitu dengan menggunakan derivative kedua dari  $f$ . Misalkan  $x_0$  adalah suatu titik-kritis dari fungsi  $f(x)$ , dimana  $f'(x_0) = 0$ . Kita mempunyai tiga kasus berikut:



1.  $f''(x_0) > 0$  menunjukkan  $x_0$  adalah suatu minimum lokal
2.  $f''(x_0) < 0$  menunjukkan  $x_0$  adalah suatu maksimum lokal
3.  $f''(x_0) = 0$  belum bisa disimpulkan

Dua pilihan yang pertama itu berasal dari pengamatan bahwa  $f''(x_0)$  adalah tingkat perubahan dari  $f'(x)$  pada  $x_0$ , yang akan bernilai positif jika derivativenya melewati nol dari sisi negatif ke positif, dan akan bernilai negatif jika derivativenya melewati nol dari sisi positif ke negatif. Hal inilah yang disebut pengujian derivative kedua untuk maksima dan minima. Kasus yang ketiga, yang belum bisa disimpulkan dipertimbangkan di bawah ini.

Pengujian derivative pertama dan kedua secara esensial memberlakukan logika yang sama, yaitu menjelaskan apa yang terjadi pada derivative  $f'(x)$  di dekat suatu titik-kritis  $x_0$ . Pengujian derivative pertama mengatakan bahwa maksima dan minima itu berpasangan dengan  $f'$  melintasi nol dari satu arah ke arah yang lain, yang ditunjukkan oleh tanda dari  $f'$  dekat  $x_0$ . Pengujian

derivative kedua hanyalah pengamatan dengan informasi yang sama ditunjukkan pada kemiringan dari garis singgung  $f'(x)$  di titik  $x_0$ .

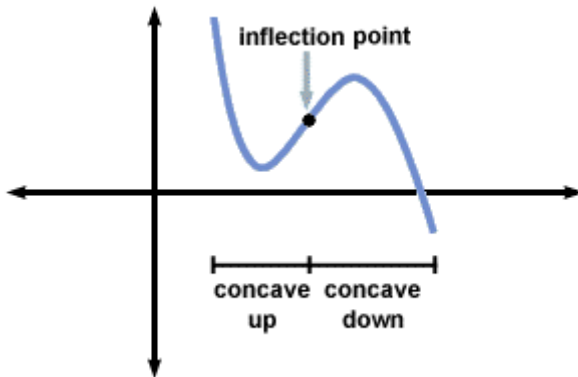
### **Titik Kecekungan dan Titik Modulasi (Balik)**

Suatu fungsi  $f(x)$  disebut cekung ke atas pada titik  $x_0$  jika  $f''(x_0) > 0$ , dan cekung ke bawah jika  $f''(x_0) < 0$ . Dengan grafik, hal ini menunjukkan cara grafik dari  $f$  "memutar" dekat  $x_0$ . Suatu fungsi yang cekung ke atas pada titik  $x_0$  terjadi di atas garis singgungnya pada suatu interval yang kecil di sekitar  $x_0$  (menyentuh tetapi bukan melintas pada  $x_0$ ). Dengan cara yang sama, suatu fungsi yang cekung ke bawah pada  $x_0$  terjadi di bawah garis singgungnya dekat  $x_0$ .

Kasus tersisa adalah suatu titik  $x_0$  di mana  $f''(x_0) = 0$ , yang disebut sebagai satu titik modulasi (balik). Pada titik seperti itu, fungsi  $f$  semakin dekat kepada garis singgungnya dibandingkan di tempat lain, karena derivative keduanya menunjukkan tingkat di mana putaran fungsi menjauh dari garis singgung. Cara lain, suatu fungsi biasanya mempunyai nilai dan derivative

yang sama karena garis singgungnya pada titik tersebut hampir tangensi; pada satu titik modulasi, derivative kedua dari fungsi dan garis singgungnya juga sama. Tentu saja, derivative kedua dari fungsi garis singgungnya adalah selalu nol, jadi pernyataan ini hanyalah  $f''(x_0) = 0$ .

Titik-titik modulasi adalah titik-kritis dari derivative pertama  $f'(x)$ . Pada satu titik modulasi, suatu fungsi akan berubah dari cekung ke atas menjadi cekung ke bawah (atau jalan keluar yang lain), atau sebentar lagi "meluruskan" selagi mempunyai kecekungan yang sama pada sisi yang lain. Tiga kasus ini berkesesuaian, secara berturut-turut, pada titik modulasi  $x_0$  menjadi maksimum lokal atau minimum lokal dari  $f'(x)$ , atau tidak.



Gambar: Contoh Titik Kecekungan dan Titik Modulasi  
(Balik)

Selanjutnya validasi spektra second derivative akan dilakukan dengan metode interpolasi dan JST. Jaringan syaraf tiruan (JST) adalah sistem pemroses informasi yang memiliki karakteristik mirip dengan jaringan syaraf biologi (siang, 2009: 2). Seperti halnya otak manusia, JST juga terdiri beberapa neuron dan ada hubungan antara neuron-neuron tersebut. Neuron-neuron tersebut akan mentransformasikan informasi yang diterima melalui sambungan keluarnya menuju ke neuron-neuron yang lain. Pada JST informasi tersebut disimpan pada suatu nilai tertentu yang disebut bobot. JST dibentuk

sebagai generalisasi model matematika dari jaringan syaraf biologi, dengan asumsi bahwa (siang, 2009: 2-3):

- Pemrosesan informasi terjadi pada banyak elemen sederhana (neuron).
- Sinyal dikirimkan diantara neuron-neuron melalui penghubung-penghubung.
- Penghubung antar neuron memiliki bobot yang akan memperkuat dan memperlemah sinyal.
- Untuk menentukan keluaran, setiap neuron menggunakan fungsi aktivasi (biasanya non linier) yang dikenakan pada jumlahan masukan yang diterima. Besarnya keluaran ini selanjutnya dibandingkan dengan suatu batas ambang.

JST adalah model kuantitatif yang belajar mengasosiasikan pola masukan dan keluaran secara adaptif dengan menggunakan algoritma belajar (Hervé, 2001). Aljabar linier sangat cocok untuk menganalisa jaringan syaraf tiruan. Dalam

artikel itu dibahas empat konsep utama aljabar linear yang penting untuk menganalisis model JST, yaitu:

- 1) Proyeksi vektor,
- 2) Nilai eigen dan dekomposisi nilai singular,
- 3) Gradien vektor dan matriks Hessian dari fungsi vektor,
- 4) Ekspansi Taylor.

Dan artikel itu digunakan jaringan Hebbian dan Widrow-Hoff sebagai contoh jaringan yang dianalisa. Aljabar linier yang merupakan bagian dari matematika mampu mengkonstruksi model JST sehingga mampu mengasosiasikan keluaran dengan masukan yang diberikan. Dan terbukti dengan bantuan

matematik dalam mengasosiasikan keluaran dengan masukan yang diberikan JST sudah mulai bisa menggantikan pekerjaan manusia bahkan pakar sekalipun. Dalam beberapa tahun ini JST sudah mampu dikembangkan hingga dapat membuat mobil yang bisa berjalan sendiri tanpa sopir, alat yang bisa mendeteksi penyakit dengan diinputkan gejala-gejala yang ada seperti halnya dokter, software penghasil suara dan masih banyak lagi hal yang bisa dilakukan oleh manusia bahkan pakar, sudah dapat dilatihkan dalam JST (Fausett, 1994). JST memiliki beberapa kemampuan seperti yang dimiliki otak manusia, yaitu:

1. Kemampuan untuk belajar dari pengalaman.

2. Kemampuan melakukan perumpamaan terhadap masukan baru dari pengalaman yang dimilikinya.
3. Kemampuan memisahkan karakteristik penting dari masukan yang mengandung data yang tidak penting.



## **BAB III**

### **METODOLOGI PENELITIAN**

#### **3.1. Waktu dan Tempat Penelitian**

Penelitian ini akan dilakukan di Laboratorium Jurusan Kimia Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam Negeri (UIN) Malang, selama enam bulan, mulai bulan Juni hingga November 2011.

#### **3.2. Rancangan Penelitian**

Dalam penelitian ini yang menjadi objek penelitian adalah kulit, kikil dan rambak babi dan sapi dalam keadaan murni. Sampel siap analisa dibuat sendiri di laboratorium. Pengambilan sampel dibuat ulangan masing-masing lima belas kali, yang masing-masing bahan baku kulit diambil dari tempat dan waktu yang berbeda. Rancangan penelitian yang digunakan adalah rancangan acak lengkap. Analisa data spektra FTIR yang diperoleh dilakukan lebih lanjut dengan membuat kurva turunan kedua dari spektra, disebut metode *Second Dervative* (2D), metode ini akan mempertajam puncak

spektra dan memperbesar resolusi pemisahan spektra. Selanjutnya validasi spektra second derivative akan dilakukan dengan metode interpolasi dan JST.

### **3.3. Alat dan Bahan**

Bahan dari penelitian ini adalah kulit babi dan kulit sapi yang diperoleh di pasaran. Bahan Pembuat pellet padatan untuk instrumentasi FTIR adalah KBr. Sementara peralatan yang digunakan adalah Spektrometer FTIR Simadzu. Spektra FTIR dikumpulkan pada rentang bilangan gelombang 4000-400  $\text{cm}^{-1}$ , pada resolusi 4  $\text{cm}^{-1}$ , scan dilakukan sebanyak 20 kali yang kemudian dijumlahkan dan dirata-ratakan. Sebagai material background referensi digunakan udara ambient.

### **4.4. Metode Penelitian**

#### **4.4.1. Preparasi sampel**

##### **4.4.1.1. Sampel Kulit**

Sampel kulit untuk identifikasi spektra infra merah adalah masing-masing sampel kulit mentah segar babi dan sapi yang telah dibersihkan kulit bulu dan lemak

di bawah kulitnya kemudian dikeringkan dibawah sinar matahari selama 2-3 hari.

#### **4.4.1.2. Sampel Kikil**

Sampel kikil babi dan sapi dibuat dari bahan dasar kulit babi dan sapi mentah segar, kemudian dipotong kecil-kecil dan dibersihkan kulit bulu serta lemak dibawah kulitnya. Selanjutnya direbus dalam air kurang lebih selama 2 jam, kemudian direndam dalam air dingin selama 1 jam. Setelah itu dijemur dibawah sinar matahari selama kurang lebih 2-3 hari.

#### **4.4.1.3. Sampel Rambak**

Sampel rambak babi dan sapi masing-masing dibuat dari kulit babi dan sapi mentah segar yang telah dipotong kecil-kecil dan dihilangkan kulit bulu serta lemak di bawah kulitnya. Kemudian direndam dalam air kapur ( $\text{CaO}$  dalam aquades) selama 48 jam. Selanjutnya dikeringkan di bawah sinar matahari selama 1-2 hari. Tahap berikutnya adalah perendaman dalam larutan garam ( $\text{NaCl}$ ) selama 12 jam, setelah itu dikeringkan sampai benar-benar kering antara 2-3 hari. Selanjutnya

digoreng dalam api kecil untuk membentuk krecek. Krecek yang telaah dingin digoreng lagi dengan api besar dan minyak panas untuk menjadi sampel rambak yang siap diidentifikasi.

#### **4.4.1.4. Preparasi sampel untuk identifikasi FTIR**

Seluruh sampel untuk identifikasi FTIR merupakan sampel padat kering yang dibuat dalam bentuk serbuk. Sampel serbuk dicampur dengan KBr untuk dibuat lempeng. Lempeng (pellet) KBr dibuat dengan menggerus cuplikan (0,1-2% berat) dengan kalium bromida (KBr) dalam mortar dari batu agate untuk mengurangi kontaminasi yang menyerap radiasi IR dan kemudian dimasukkan ke dalam tempat khusus kemudian di vakum untuk melepaskan air. Campuran dipres beberapa saat (10 menit) pada tekanan 80 Torr (8 hingga 20 ton per satuan luas).

#### **4.4.2. Pengumpulan dan Pengolahan Data**

Pengumpulan data spektra FTIR menggunakan spektrofotometer FTIR Simadzu dengan rentang bilangan gelombang  $400\text{-}4000\text{ cm}^{-1}$ , resolusi 4 dan scan

20, sebagai referensi digunakan udara ambient. Pembuatan kurva turunan kedua spektra menggunakan bantuan perangkat lunak Resolution Pro dari Varian.

#### **4.4.3. Validasi Kurva Turunan Kedua Spektra FTIR dengan Interpolasi dan JST**

Selanjutnya validasi spektra second derivative akan dilakukan dengan metode interpolasi dan JST. Jaringan syaraf tiruan (JST) adalah sistem pemroses informasi yang memiliki karakteristik mirip dengan jaringan syaraf biologi (siang, 2009: 2). Seperti halnya otak manusia, JST juga terdiri beberapa neuron dan ada hubungan antara neuron-neuron tersebut. Neuron-neuron tersebut akan mentransformasikan informasi yang diterima melalui sambungan keluarnya menuju ke neuron-neuron yang lain. Pada JST informasi tersebut disimpan pada suatu nilai tertentu yang disebut bobot. JST dibentuk sebagai generalisasi model matematika dari jaringan syaraf biologi, dengan asumsi bahwa (siang, 2009: 2-3):

- Pemrosesan informasi terjadi pada banyak elemen sederhana (neuron).

- Sinyal dikirimkan diantara neuron-neuron melalui penghubung-penghubung.
- Penghubung antar neuron memiliki bobot yang akan memperkuat dan memperlemah sinyal.
- Untuk menentukan keluaran, setiap neuron menggunakan fungsi aktivasi (biasanya non linier) yang dikenakan pada jumlahan masukan yang diterima. Besarnya keluaran ini selanjutnya dibandingkan dengan suatu batas ambang.

JST adalah model kuantitatif yang belajar mengasosiasikan pola masukan dan keluaran secara adaptif dengan menggunakan algoritma belajar (Hervé, 2001). Aljabar linier sangat cocok untuk menganalisa jaringan syaraf tiruan. Dalam artikel itu dibahas empat konsep utama aljabar linear yang penting untuk menganalisis model JST, yaitu:

- 1) Proyeksi vektor,
- 2) Nilai eigen dan dekomposisi nilai singular,
- 3) Gradien vektor dan matriks Hessian dari fungsi vektor,
- 4) Ekspansi Taylor.

Dan artikel itu digunakan jaringan Hebbian dan Widrow-Hoff sebagai contoh jaringan yang dianalisa. Aljabar linier yang merupakan bagian dari matematika mampu mengkonstruksi model JST sehingga mampu mengasosiasikan keluaran dengan masukan yang diberikan. Dan terbukti dengan bantuan matematik dalam mengasosiasikan keluaran dengan masukan yang diberikan JST sudah mulai bisa menggantikan pekerjaan manusia bahkan

pakar sekalipun. Dalam beberapa tahun ini JST sudah mampu dikembangkan hingga dapat membuat mobil yang bisa berjalan sendiri tanpa sopir, alat yang bisa mendeteksi penyakit dengan diinputkan gejala-gejala yang ada seperti halnya dokter, software penghasil suara dan masih banyak lagi hal yang bisa dilakukan oleh manusia bahkan pakar, sudah dapat dilatihkan dalam JST (Fausett, 1994). JST memiliki beberapa kemampuan seperti yang dimiliki otak manusia, yaitu:

4. Kemampuan untuk belajar dari pengalaman.
5. Kemampuan melakukan perumpamaan terhadap masukan baru dari pengalaman yang dimilikinya.



6. Kemampuan memisahkan karakteristik penting dari masukan yang mengandung data yang tidak penting.

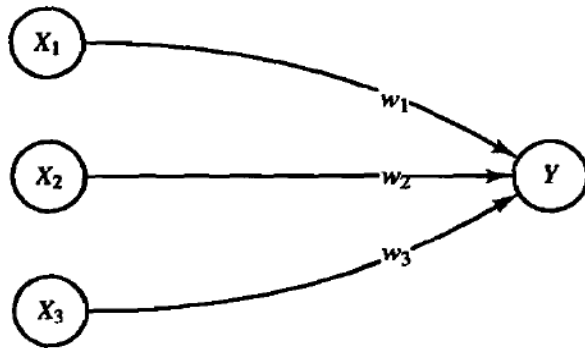
JST ditentukan oleh 3 hal (siang, 2009: 3):

- a) Pola hubungan antar neuron (disebut arsitektur jaringan)
- b) Metode untuk menentukan bobot penghubung (disebut metode *training/learning/algorithm*)
- c) Fungsi aktivasi

Secara umum pengenalan pola adalah suatu ilmu untuk mengklasifikasikan atau menggambarkan sesuatu berdasarkan pengukuran kuantitatif fitur (ciri) atau sifat utama dari suatu objek (putra, 2010: 303). Pola sendiri adalah

suatu entitas yang terdefinisi dan dapat diidentifikasi serta diberi nama. Sidik jari adalah suatu contoh pola. Pola bisa merupakan kumpulan hasil pengukuran atau pemantauan dan bisa dinyatakan dalam notasi matriks atau vektor. Pengenalan pola telah dikembangkan adalah pengenalan secara otomatis karakter tulisan tangan (angka atau huruf), dengan variasi yang sangat banyak di ukuran, posisi dan gaya tulisan (fausett, 1994: 8-9). Seperti jaringan Backpropagation yang telah digunakan untuk mengenali tulisan tangan kode pos.

Sebagai contoh, perhatikan neuron **Y** pada gambar 2.5



Gambar 2.5 Jaringan Syaraf Tiruan Sederhana

$Y$  menerima input dari neuron  $X_1, X_2$  dan  $X_3$  dengan bobot hubungan masing-masing adalah  $w_1, w_2$  dan  $w_3$ . Ketiga impuls neuron yang ada dijumlahkan.

$$net = X_1w_1 + X_2w_2 + X_3w_3 \quad (2.6)$$

Besarnya impuls yang diterima oleh  $Y$  mengikuti fungsi aktivasi  $y = f(net)$ . Apabila nilai fungsi aktivasi cukup kuat, maka sinyal akan diteruskan. Nilai fungsi aktivasi (keluaran model

jaringan) juga dapat dipakai sebagai dasar untuk merubah bobot.

Berdasarkan cara memodifikasi bobotnya, ada dua macam pelatihan yang dikenal, yaitu pelatihan terbimbing dan tak terbimbing (siang, 2009: 28-29).

Dalam pelatihan terbimbing, terdapat sejumlah pasangan data (masukan dan keluaran) yang dipakai untuk melatih jaringan hingga diperoleh bobot yang diinginkan. Pasangan data tersebut berfungsi sebagai “guru” untuk melatih jaringan hingga diperoleh bentuk yang terbaik. “Guru” akan memberikan informasi yang jelas tentang bagaimana sistem harus mengubah dirinya untuk meningkatkan kerjanya.

Pada setiap kali pelatihan, suatu input diberikan ke jaringan. Jaringan akan memproses dan mengeluarkan keluaran. Selisih antara keluaran

jaringan dengan target (keluaran yang diinginkan) merupakan error. Jaringan akan memodifikasi bobot sesuai dengan error tersebut.

Sebaliknya, dalam pelatihan tak terbimbing tidak ada guru yang akan mengarahkan proses pelatihannya, perubahan bobot jaringan dilakukan berdasarkan parameter tertentu dan jaringan dimodifikasi menurut ukuran parameter tersebut. Contohnya adalah jaringan lapisan kompetitif.

### **Fungsi Aktivasi**

Kegunaan fungsi aktivasi sudah dijelaskan diatas, yaitu untuk menentukan keluaran. Banyak fungsi aktivasi yang dapat dipakai diantaranya fungsi-fungsi goniometri dan hiperboliknya, fungsi unit step, impuls, dan sigmoid (purnomo, 2006: 21-24). Tetapi yang lazim digunakan adalah fungsi

sigmoid, karena dianggap lebih mendekati kinerja sinyal pada otak manusia. Pada umumnya fungsi aktivasi membangkitkan sinyal-sinyal unipolar atau bipolar.

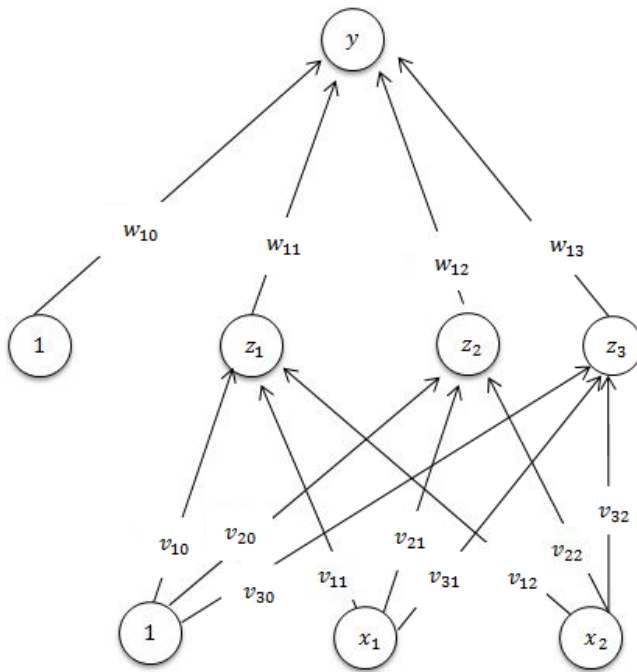
Backpropagation merupakan algoritma pembelajaran yang terbimbing (kusumadewi, 2004: 93). Algoritma backpropagation menggunakan error keluaran untuk mengubah nilai bobot-bobotnya dalam arah mundur. Untuk mendapatkan error ini, tahap perambatan maju harus dilakukan terlebih dahulu.

### **Arsitektur Backpropagation**

Backpropagation merupakan jaringan dengan arsitektur lapisan jamak (siang, 2009: 30). Karena merupakan jaringan lapisan jamak, maka backpropagation memiliki lapisan tersembunyi.

Gambar 7.1 adalah arsitektur backpropagation dengan  $n$  buah masukan (ditambah sebuah bias), sebuah lapisan tersembunyi yang terdiri dari  $p$  unit (ditambah sebuah bias), serta  $m$  buah keluaran (siang, 2009: 98).

$v_{ji}$  merupakan bobot garis dari unit masukan  $x_i$  ke unit lapisan tersembunyi  $z_j$  ( $v_{j0}$  merupakan bobot garis yang menggabungkan bias di unit masukan ke unit lapisan tersembunyi  $z_j$ ).  $w_{kj}$  merupakan bobot dari unit lapisan tersembunyi  $z_j$  ke unit keluaran  $y_k$  ( $w_{k0}$  merupakan bobot dari bias di lapisan tersembunyi ke unit keluaran  $z_k$ ).



Gambar 2.15 Arsitektur Jaringan

## Backpropagation

### Fungsi Aktivasi

Dalam backpropagation, fungsi aktivasi yang dipakai harus memenuhi beberapa syarat, yaitu: kontinu, terdeferensial dengan mudah dan merupakan fungsi yang tidak turun (siang, 2009: 99). Salah satu



fungsi yang memenuhi ketiga syarat tersebut sehingga sering dipakai adalah fungsi sigmoid biner. Dan fungsi lain yang sering dipakai adalah fungsi sigmoid bipolar yang memiliki range  $(-1,1)$ .

### **Algoritma Backpropagation**

Langkah 0 : Tetapkan target error dan learning rate ( $\alpha$ ) (kusumadewi, 2004: 95).

Langkah 1 : Menginisialisasi semua bobot dengan bilangan acak kecil (siang, 2009: 102-104).

Langkah 2 : Untuk setiap pasangan data pelatihan, langkah 3-8 dilakukan.

Langkah 3 : Tiap unit masukan menerima sinyal dan meneruskannya ke unit tersembunyi di atasnya.

Langkah 4 : Menghitung semua keluaran di unit tersembunyi  $z_i (j = 1, 2, \dots, p)$ .

$$z\_net_j = v_{j0} + \sum_{i=1}^n x_i v_{ji} \quad (2.14)$$

$$z_j = f(z\_net_j) = \frac{1}{1 + e^{-z\_net_j}} \quad (2.15)$$

Langkah 5 : Menghitung semua keluaran jaringan di unit  $y_k (k = 1, 2, \dots, m)$ .

$$y\_net_k = w_{k0} + \sum_{j=1}^p z_j w_{kj} \quad (2.16)$$

$$y_k = f(y\_net_k) = \frac{1}{1 + e^{-y\_net_k}} \quad (2.17)$$

Langkah 6 : Menghitung faktor  $\delta$  unit keluaran berdasarkan kesalahan di setiap unit keluaran  $y_k (k = 1, 2, \dots, m)$ .

$$\begin{aligned}\delta_k &= (t_k - y_k)f'(y_{net_k}) \\ &= (t_k - y_k)y_k(1 - y_k)\end{aligned}\quad (2.18)$$

$\delta_k$  merupakan unit kesalahan yang akan dipakai dalam perubahan bobot layar dibawahnya (langkah 7). Menghitung suku perubahan bobot  $w_{kj}$  (yang akan dipakai nanti untuk merubah bobot  $w_{kj}$ ) dengan laju percepatan  $\alpha$ .

$$\Delta w_{kj} = \alpha \delta_k z_j; \quad k = 1, 2, \dots, m; \quad j = 0, 1, \dots, p \quad (2.19)$$

Langkah 7 : Menghitung faktor  $\delta$  unit tersembunyi berdasarkan kesalahan di setiap unit tersembunyi  $z_j (j = 1, 2, \dots, p)$ .

Faktor  $\delta$  unit tersembunyi:

$$\delta_j = \delta_{net_j} f'(z_{net_j}) = \delta_{net_j} z_j (1 - z_j) \quad (2.20)$$

Menghitung suku perubahan bobot  $v_{ji}$

(yang akan dipakai nanti untuk merubah bobot  $v_{ji}$ ).

$$\Delta v_{ji} = \alpha \delta_j x_i; \quad j = 1, 2, \dots, p; \quad i = 0, 1, \dots, n \quad (2.21)$$

Langkah 8 : Menghitung semua perubahan bobot.

Perubahan bobot garis yang menuju ke unit keluaran:

$$w_{ji\_baru} = w_{kj}(lama) + \Delta w_{kj}; \quad (2.22)$$

$$k = 1, 2, \dots, m; j = 0, 1, \dots, p \quad )$$

perubahan bobot yang menuju ke unit tersembunyi:

$$v_{ji\_baru} = v_{ji}(lama) + \Delta v_{ji}; \quad (2.23)$$

$$j = 1, 2, \dots, p; \quad i = 0, 1, \dots, n$$

Langkah 9 : Menghitung MSE, Jika nilai MSE belum lebih kecil daripada target error, maka langkah 2-8 terus dilakukan (kusumadewi, 2004: 97).

Setelah pelatihan selesai, jaringan dapat dipakai untuk pengenalan pola. Dalam hal ini, langkah 4 dan 5 saja yang dipakai untuk menentukan keluaran. Apabila fungsi yang dipakai bukan fungsi sigmoid biner, maka langkah 4 dan 5 harus disesuaikan, begitu juga turunannya pada langkah 6 dan 7.

#### **4.4.4. Analisis Data**

Analisis data untuk mendukung pengambilan keputusan tentang ada tidaknya spektra khas protein babi menggunakan metode gabungan deskriptif dan analisa numerik, yaitu dengan melakukan validasi bentuk kurva turunan kedua spektra FTIR dengan pendekatan metode

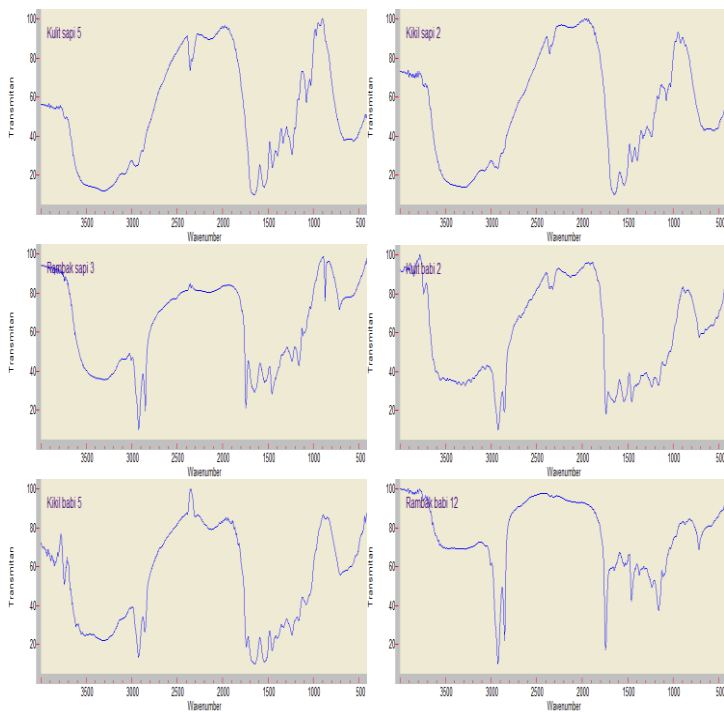
numerik interpolasi dan JST. Identifikasi jenis vibrasi khas protein babi dilakukan berdasarkan kepakaran sesuai dengan teori.

## **BAB IV**

### **TEMUAN DAN ANALISA DATA**

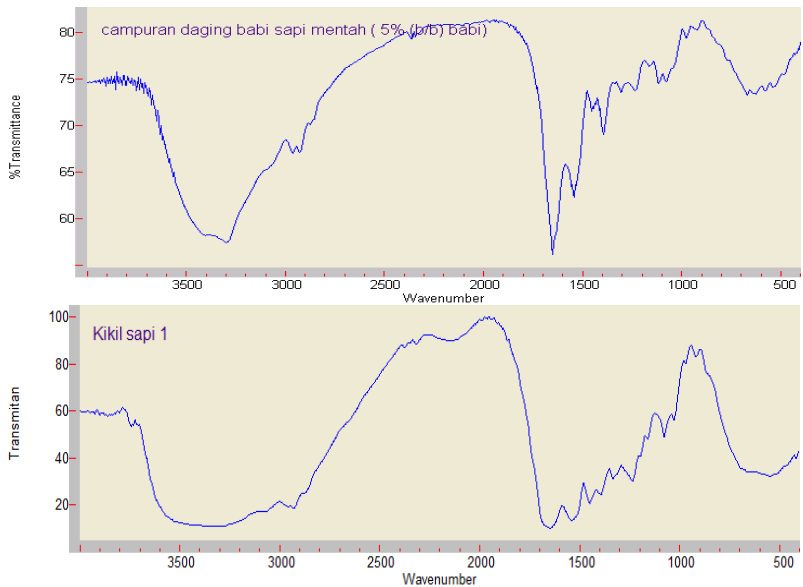
#### **4.1. Spektra FTIR Kulit, Kikil dan Rambak Sapi dan Babi**

Secara umum dapat dilihat dari data spektra FTIR transmittan, baik kulit, kikil maupun rambak sapi dan babi memiliki pola spektra yang mirip. Sebagaimana ditunjukkan pada Gambar 4.1. Demikian juga jika dibandingkan dengan penelitian terdahulu tentang spektra FTIR daging sapi dan babi, spektra FTIR kulit, kikil dan rambak juga secara umum memiliki posisi dan bentuk puncak yang mirip dengan spektra FTIR daging sapi dan babi, sebagaimana ditunjukkan pada Gambar 4.2.



Gambar 4.1. Spektra FTIR kulit, kiki dan rambak babi dan sapi.



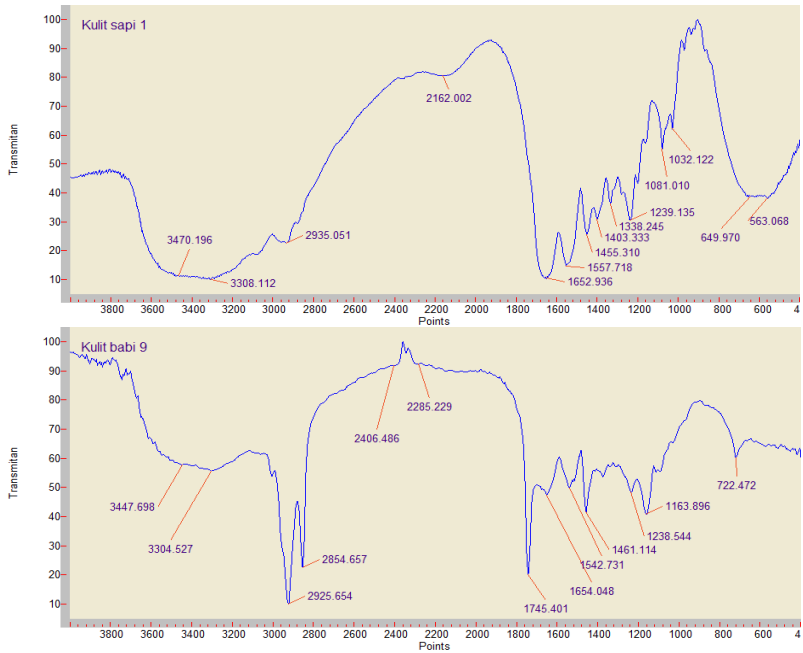


Gambar 4.2. Perbandingan pola umum spektra daging sapi dan babi (Barroroh, 2009) dan Kikil sapi.

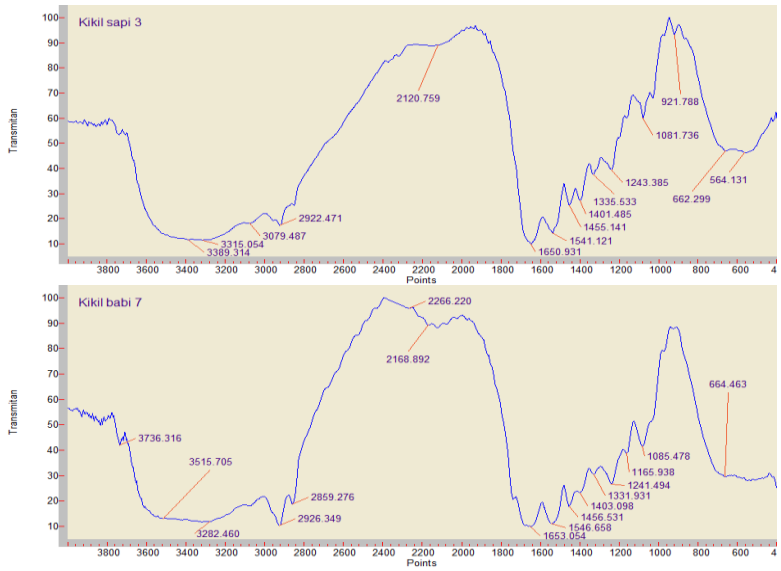
Posisi bilangan gelombang puncak-puncak spektra FTIR daging sapi dan babi dan kikil, kulit serta rambak secara umum mengindikasikan bahwa kesemua bahan tersebut memiliki bahan dasar utama yang hampir sama yaitu protein selain adanya kemungkinan bahan minor yang lain. Hal ini teridentifikasi dari munculnya puncak melebar pada sekitar  $3500-3600\text{ cm}^{-1}$  dan  $3000-3400\text{ cm}^{-1}$  yang merupakan puncak yang khas dari vibrasi

gugus fungsi dari ikatan -OH dan -NH intramolekul. Pelebaran puncak terjadi akibat terbentuknya ikatan hidrogen baik dari gugus OH protein maupun H<sub>2</sub>O dan NH dari protein. Sebagaimana diketahui protein adalah makromolekul yang dapat tersusun dari ribuan asam amino, masing-masing asam amino setidaknya memiliki satu gugus terminal asam (COOH) dan terminal amino (NH<sub>3</sub>). Terdapat juga puncak kuat pada sekitar 2900 cm<sup>-1</sup> dan 2800 cm<sup>-1</sup> yang merupakan moda vibrasi stretching CH<sub>2</sub> simetri dan asimetri. Konfirmasi hadirnya gugus asam (COOH) ditunjukkan dari puncak kuat pada sekitar 1750 cm<sup>-1</sup> yang merupakan vibrasi stretching C=O. Daerah puncak dibawah 1400 cm<sup>-1</sup> merupakan daerah finger print yang khas untuk setiap sistem molekuler.

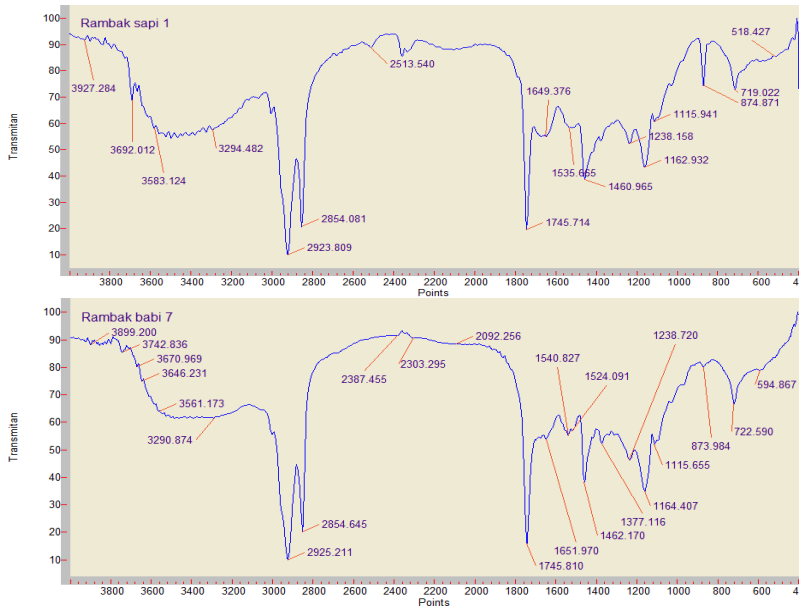
Analisa puncak-puncak spektra FTIR transmitan kulit, kikir dan rambak sapi dan babi secara lebih detil dapat dilihat pada Gambar 4.3. dan 4.4. dan 4.5.



Gambar 4.3 Perbandingan puncak-puncak spektra FTIR kulit sapi dan babi.



Gambar 4.4. Perbandingan puncak-puncak spektra FTIR kikil sapi dan babi.



Gambar 4.5. Perbandingan puncak-puncak spektra FTIR rambak sapi dan babi

Kulit, kikel, dan rambak baik sapi maupun babi semuanya memiliki puncak pada 3500-3600 cm<sup>-1</sup> dan 3000-3400 cm<sup>-1</sup> yang melebar, milik vibrasi stretching -OH dan -NH. Hal yang sedikit membedakan adalah intensitasnya. Sebagaimana tampak pada Gambar 4.3, 4.4 dan 4.5 (data selengkapnya dapat dilihat pada lampiran), pada sampel kikel konsisten memiliki puncak melebar dengan intensitas yang tinggi dibandingkan dengan

rambak yang konsisten memiliki puncak melebar yang intensitas yang relatif lebih rendah, sementara kulit sapi konsisten memiliki puncak melebar dengan intensitas tinggi dan kulit babi memiliki puncak melebar dengan intensitas bervariasi. Intensitas puncak ini tampaknya terkait dengan banyak sedikitnya gugus -OH yang terdapat dalam sampel, peningkatan jumlah gugus -OH terutama berasal dari kadar air yang terkandung dalam sampel. Meskipun semua sampel untuk identifikasi FTIR telah dikeringkan pada batas keumuman, tetapi tiap-tiap sampel tetap memiliki kandungan air yang berbeda-beda. Pada sampel kikil, terlihat bahwa kadar air yang terkandung dalam sampel cukup tinggi, hal ini karena penyiapan kikil melalui tahap perebusan sehingga membentuk fasa semacam gel yang tampak dari penampakan fisiknya yang bersifat agak transparan, lengket dan kenyal. Di dalam suatu gel, air akan terjebak di dalam matriks protein kulitnya dan pengeringan biasa tidak akan dapat melepaskan air dalam matriks tersebut.

Dalam sampel rambak, memiliki intensitas puncak pada  $3500\text{--}3600\text{ cm}^{-1}$  dan  $3000\text{--}3400\text{ cm}^{-1}$  relatif lebih rendah. Hal ini terkait jumlah gugus -OH yang

berasal dari  $H_2O$  yang juga lebih sedikit dibanding kikil dan kulit. Pada penyiapan sampel rambak tidak ada proses perebusan sehingga sampel tidak membentuk fasa gel, yang terjadi adalah proses perendaman dalam larutan kapur ( $CaOH_2$ ) dengan sedikit kandungan  $CaCO_3$  serta larutan  $NaCl$ . Ion-ion kalsium,  $Na^+$  dan  $Cl^-$  serta gas  $CO_2$  dari  $CaCO_3$  akan terdeposit selama perendaman, hal ini tampak pada penampakan fisik kulit setelah perendaman yang bersifat kaku dan berwarna putih pucat berbeda dengan penampakan kulit segar yang bersifat lentur dan berwarna putih kemerahan. Garam  $NaCl$  juga akan mendehidrasi kulit sehingga kandungan air dalam kulit akan berkurang, disamping akan membersihkan rongga-rongga yang ada dalam sampel dari pengotor-pengotor. Proses pemanasan selama penggorengan akan membuat gas  $CO_2$  terlepas dari kulit dengan meninggalkan bentuk-bentuk rongga sehingga kulit menjadi berpori atau biasa kita kenal sebagai bersifat *chrispy*.

Kulit sapi tampaknya cenderung lebih banyak mengikat air daripada kulit babi, hal ini tampak dari intensitas puncak pada  $3500-3600\text{ cm}^{-1}$  dan  $3000-3400$

$\text{cm}^{-1}$  yang konsisten tinggi untuk sampel kulit sapi dan bervariasi untuk sampel kulit babi.

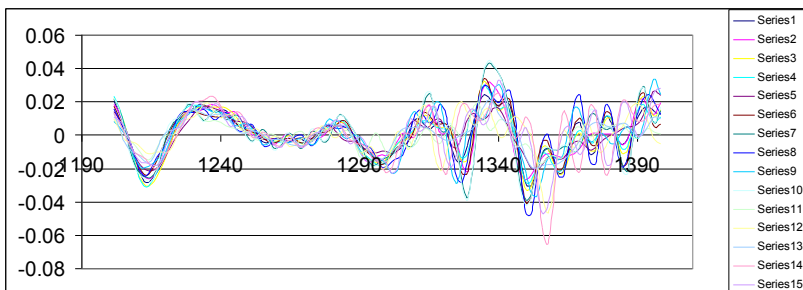
Secara umum spektra FTIR daging, kulit, kikil dan rambak babi dan sapi memiliki pola spektra di daerah di bawah  $1400 \text{ cm}^{-1}$  yang hampir sama. Tetapi dari hasil penelitian terdahulu oleh Barroroh, 2009 telah ditemukan puncak-puncak halus khas yang membedakan antara daging sapi dan daging babi. Jadi dapat diduga hal yang sama juga akan dapat ditemukan pada sampel kulit, kikil dan rambak sapi dan babi dalam penelitian ini. Pencarian puncak-puncak halus khas kulit, kikil dan rambak sapi dan babi akan dilakukan dengan mengolah data spektra FTIR dalam bentuk transmittan menjadi bentuk turunan keduanya atau dikenal dengan metode Second Derivative.

#### **4.2. Identifikasi Pola Khas Spektra FTIR Kulit, Kikil dan Rambak melalui Metode Second Derivative.**

Metode Second Derivative pada dasarnya akan memperbesar resolusi pemisahan puncak-puncak spektra yang saling bertumpukan. Tetapi penggunaan metode ini



juga harus dilakukan secara berhati-hati, karena jika tidak akan dapat memberikan hasil analisa yang bias. Untuk data spektra asli yang banyak mengandung noise, dapat saja puncak-puncak noise akan menjadi lebih terlihat ketika dilakukan second derivative. Hal ini tampaknya terjadi pada sampel dalam penelitian ini. Pembuatan spektra FTIR dalam penelitian ini hanya menggunakan scan sebanyak 20 kali, jumlah scan sebanyak ini adalah jumlah scan yang biasa digunakan dalam analisa FTIR komersial dalam laboratorium-laboratorium spektroskopi IR. Sehingga hasil spektra dalam penelitian ini memberikan tantangan dalam hal pemilahan puncak noise dan bukan noise. Kehadiran noise dapat dilihat pada contoh Gambar 4.6.



Gambar 4.6. Turunan kedua spektra FTIR kikil sapi pada bilangan gelombang 1200-1400  $\text{cm}^{-1}$ , serie 1-15 adalah ulangan.

Pada bilangan gelombang 1200-1220  $\text{cm}^{-1}$  tampak bahwa 15 spektra kikil sapi memiliki satu lembah tanpa noise. Pada bilangan gelombang 1240-1290, kelimabelas spektra tersebut sesungguhnya memiliki 1 lembah dan 1 puncak tetapi terdapat puncak-puncak halus pada masing-masing spektra yang merupakan noise. Noise dapat berasal dari tegangan listrik yang tidak konstan selama proses scanning, untuk menghilangkan efek noise dapat dilakukan dengan menambah jumlah scan yang lebih banyak sehingga hasil rata-rata spektra dapat lebih halus. Pada sekitar 1340-1400  $\text{cm}^{-1}$  tampak terdapat puncak yang tidak satupun konsisten diantara kelimabelas sampel, ini menunjukkan bahwa pada daerah

ini masing-masing sampel memiliki puncak yang berbeda-beda.

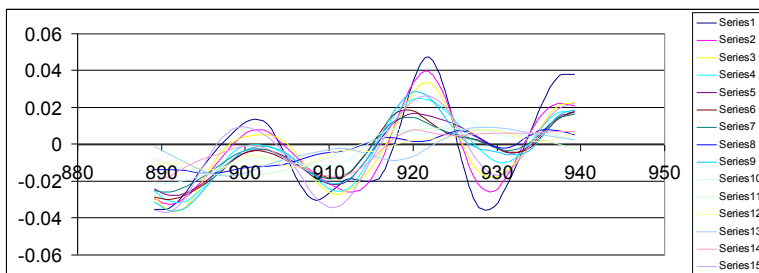
Melalui analisa second derivative pada seluruh sampel kulit, kikil dan rambak sapi dan babi dapat diperoleh puncak khusus untuk sampel sapi dan babi sebagaimana pada tabel 4.1.

**Tabel 4.1. Daerah spektra khas kikil sapi dan kikil babi**

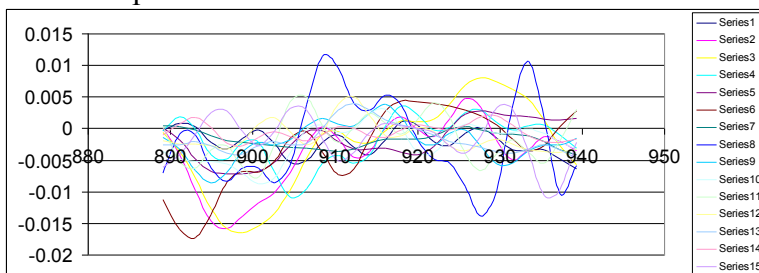
Bilangan gelombang m-bang	Pola khas spektra kulit sapi dan kulit babi		Pola khas spektra kikil sapi dan kikil babi		Pola khas spektra rambak sapi dan rambak babi	
	Kulit sapi	Kulit babi	Kikil sapi	Kikil babi	Rambak sapi	Rambak babi
890-940	2 lembah	Tidak spesifik	2 lembah	Tidak spesifik	1 lembah	2 lembah
940-990	2 lembah	Tidak spesifik	-	-	-	-
940	-	-	2 lembah	Tidak spesifik	-	-
990	-	-	1 lembah	Tidak spesifik	-	-
1040-1090	2 lembah	Tidak spesifik	2 lembah	Tidak spesifik	-	-
1200	2 puncak	Tidak ada puncak	2 puncak	Tidak ada puncak	-	-
1740	1 puncak	Tidak ada puncak	1 puncak	1 lembah	1 lembah	2 lembah
2390	-	-	1 lembah	1 puncak	-	-
2870	-	-	1 puncak	1 lembah	1 lembah	2 lembah

### 4.2.1. Pola Khas Turunan Kedua Spektra FTIR kulit Sapi dan Babi

Gambar pola khas turunan kedua spektra FTIR kulit sapi dan babi sebagaimana terdapat dalam gambar 4.7 sampai 4.11.

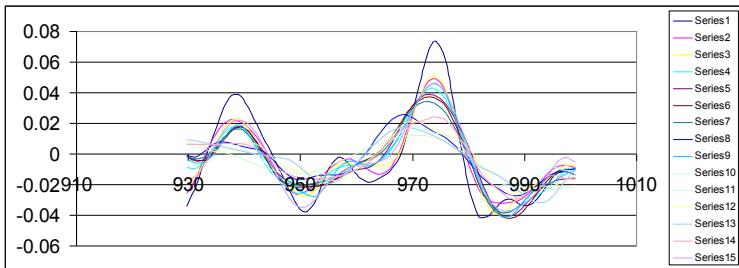


a. Kulit sapi

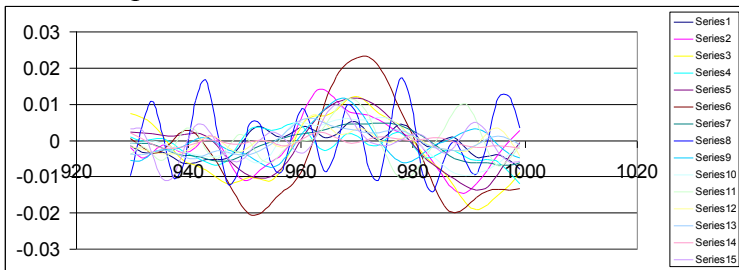


b. Kulit babi

Gambar 4.7. Pola khas turunan kedua spektra FTIR kulit sapi dan babi pada bilangan gelombang 890-940  $\text{cm}^{-1}$

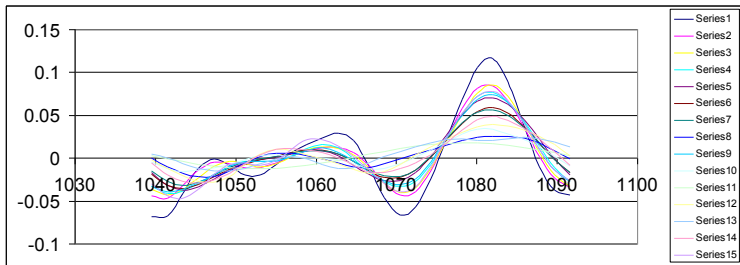


### a. Kulit sapi

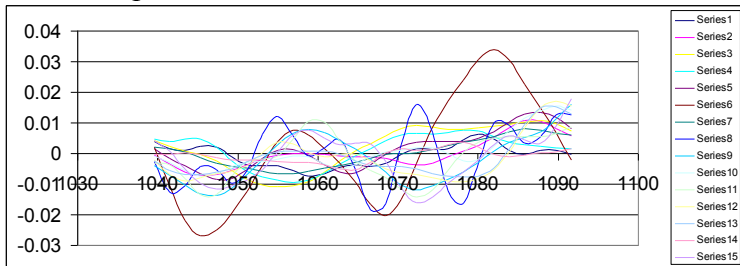


### b. Kulit babi

Gambar 4.8. Pola khas turunan kedua spektra FTIR kulit sapi dan babi pada bilangan gelombang 940-990  $\text{cm}^{-1}$

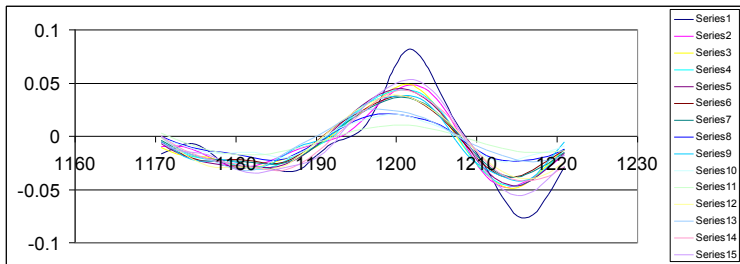


a. Kulit sapi

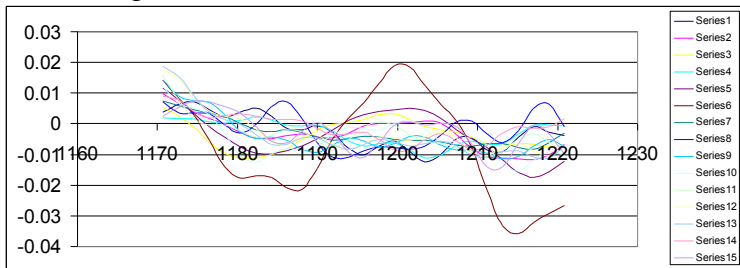


b. Kulit babi

Gambar 4.9. Pola khas turunan kedua spektra FTIR kulit sapi dan babi pada bilangan gelombang 1040-1090  $\text{cm}^{-1}$

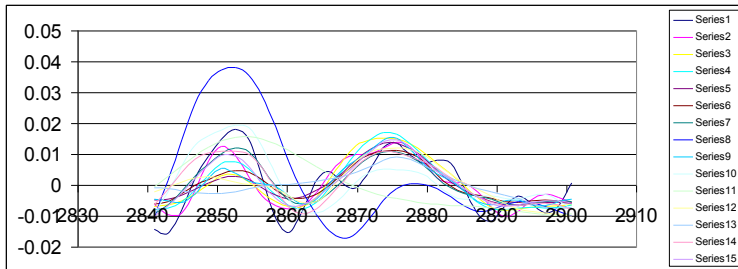


a. Kulit sapi

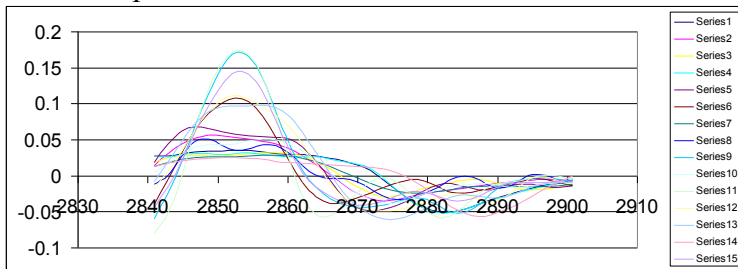


b. Kulit babi

Gambar 4.10. Pola khas turunan kedua spektra FTIR kulit sapi dan babi pada bilangan gelombang  $1200 \text{ cm}^{-1}$



a. Kulit sapi



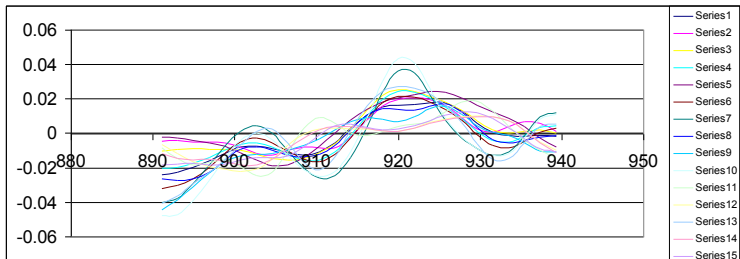
b. Kulit babi

Gambar 4.11. Pola khas turunan kedua spektra FTIR kulit sapi dan babi pada bilangan gelombang  $2870\text{ cm}^{-1}$

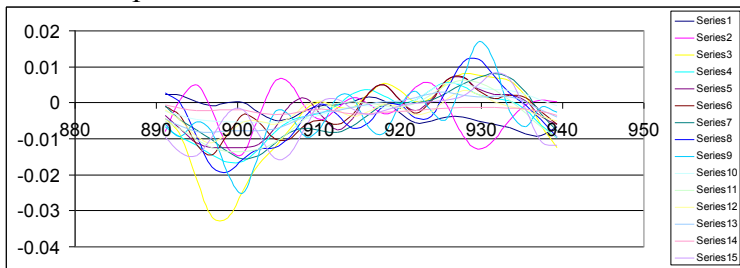
#### 4.2.2. Pola Khas Turunan Kedua Spektra FTIR Kikil Sapi dan Babi

Gambar pola khas turunan kedua spektra FTIR kikil sapi dan babi sebagaimana terdapat dalam gambar 4.11 sampai 4.11.



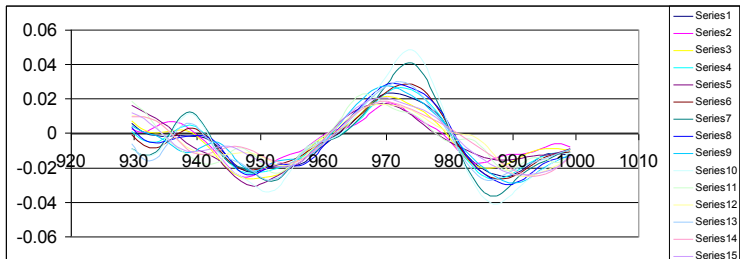


a. Kikil sapi

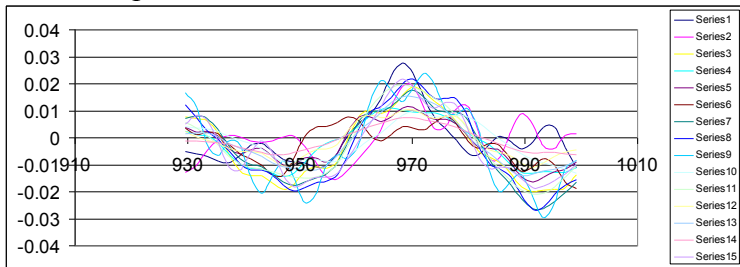


b. Kikil babi

Gambar 4.12. Pola khas turunan kedua spektra FTIR kikil sapi dan babi pada bilangan gelombang  $930\text{ cm}^{-1}$

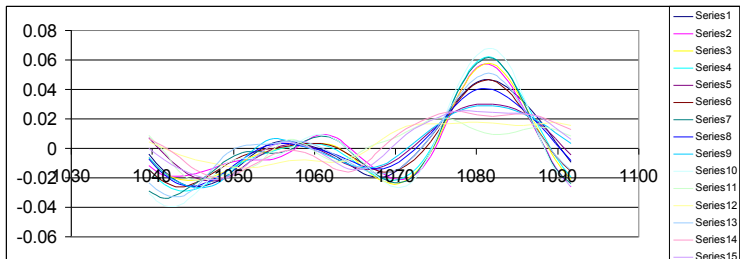


a. Kikil sapi

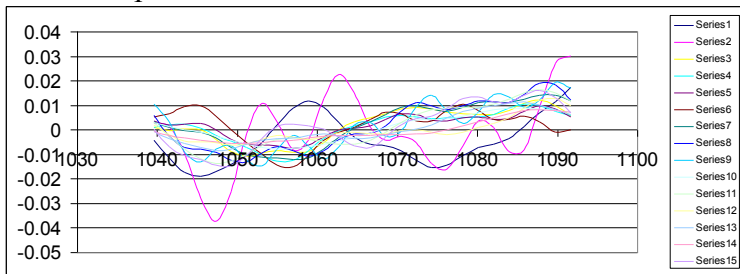


b. Kikil babi

Gambar 4.13. Pola khas turunan kedua spektra FTIR  
kikil sapi dan babi pada bilangan  
gelombang 930-970  $\text{cm}^{-1}$

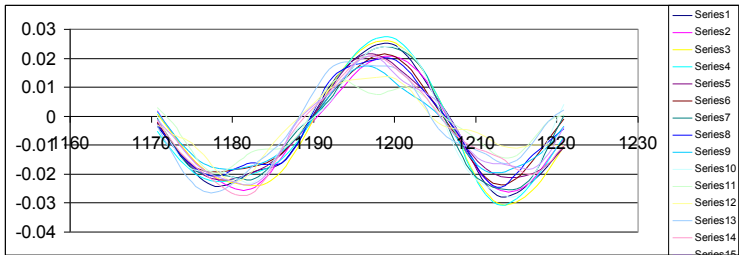


b. Kikil sapi

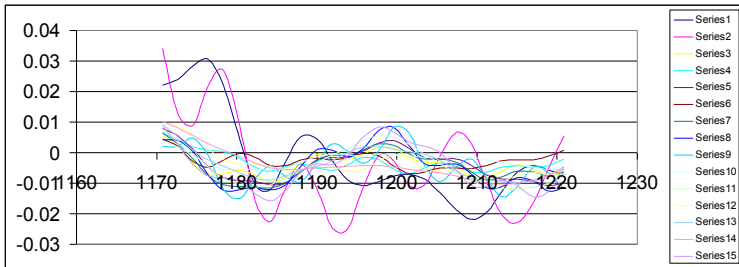


a. Kikil babi

Gambar 4.14. Pola khas turunan kedua spektra FTIR kikil sapi dan babi pada bilangan gelombang 1040-1090  $\text{cm}^{-1}$

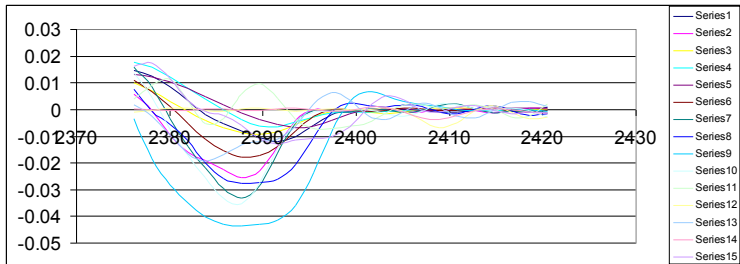


a. Kikil sapi

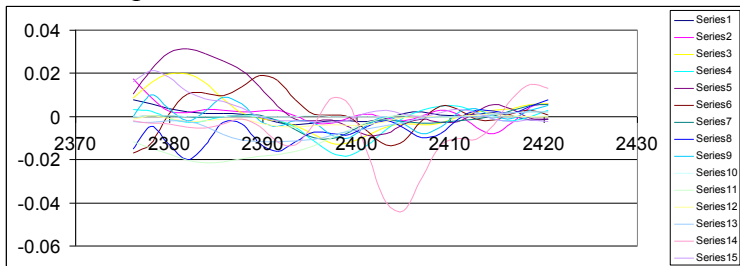


b. Kikil babi

Gambar 4.15. Pola khas turunan kedua spektra FTIR  
kikil sapi dan babi pada bilangan  
gelombang  $1200\text{ cm}^{-1}$

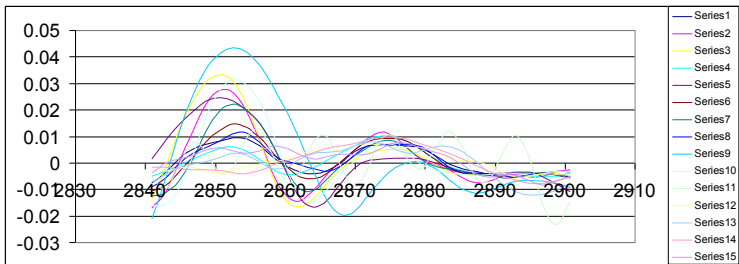


a. Kikil sapi

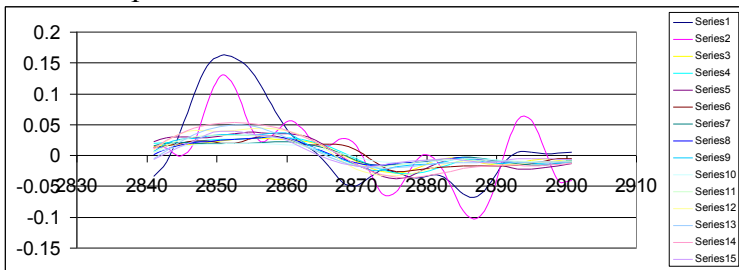


b. Kikil babi

Gambar 4.16. Pola khas turunan kedua spektra FTIR kikil sapi dan babi pada bilangan gelombang  $2390\text{ cm}^{-1}$



a. Kikil sapi

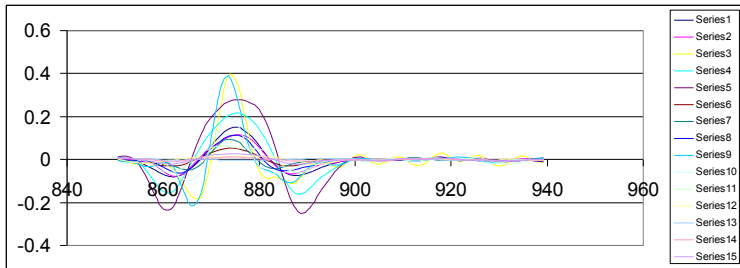


b. Kikil babi

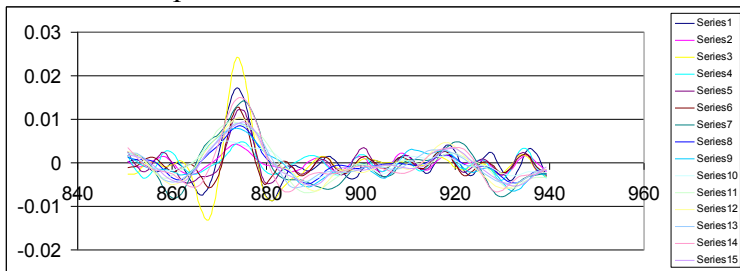
Gambar 4.17. Pola khas turunan kedua spektra FTIR kikil sapi dan babi pada bilangan gelombang  $2870\text{ cm}^{-1}$

#### 4.2.3. Pola Khas Turunan Kedua Spektra FTIR Rambak Sapi dan Babi

Gambar pola khas turunan kedua spektra FTIR rambak sapi dan babi sebagaimana terdapat dalam gambar 4.18 sampai 4.20.

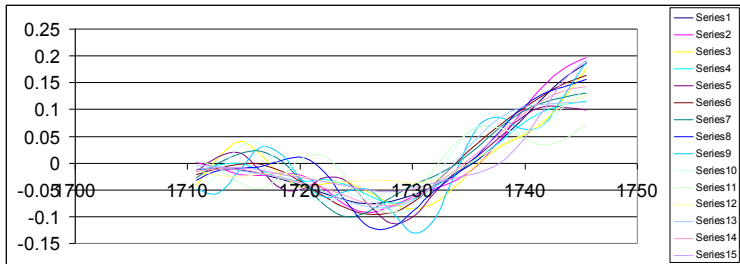


a. Rambak sapi

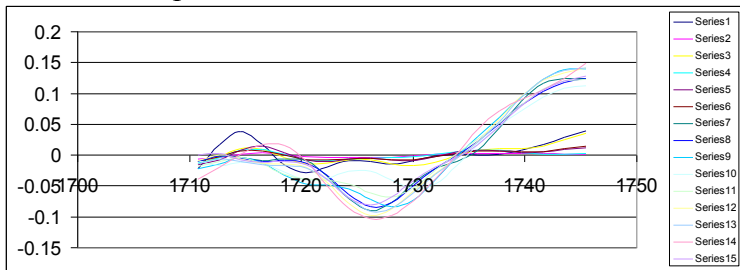


b. Rambak babi

Gambar 4.18. Pola khas turunan kedua spektra FTIR  
kikil sapi dan babi pada bilangan  
gelombang  $890\text{ cm}^{-1}$



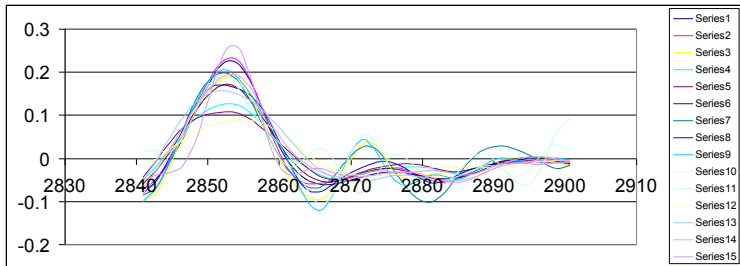
a. Rambak sapi



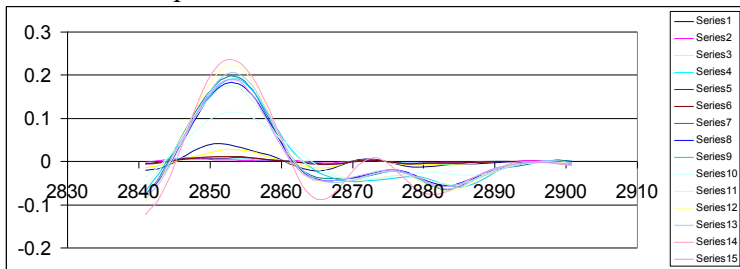
b. Rambak babi

Gambar 4.19. Pola khas turunan kedua spektra FTIR kikir sapi dan babi pada bilangan gelombang 1720-1740  $\text{cm}^{-1}$





a. Rambak sapi



b. Rambak babi

Gambar 4.20. Pola khas turunan kedua spektra FTIR kikir sapi dan babi pada bilangan gelombang  $2870\text{ cm}^{-1}$

### 4.3. Konstruksi Interpolasi dan JST data FTIR

Masalah interpolasi berupaya untuk mempertajam dan mendetailkan hasil pembacaan second derivation pada FTIR di daerah sidik jari. Prosedur ini berupaya untuk meramalkan fungsi  $f(x)$  dari data FTIR. Masalah utama yang dihadapi dalam backpropagation adalah

lamanya iterasi yang harus dilakukan (siang, 2009: 108). Backpropagation tidak dapat memberikan kepastian tentang berapa epoch yang harus dilalui untuk mencapai kondisi yang diinginkan. Dan berikut ini parameter-parameter untuk menghasilkan menghasilkan jumlah iterasi yang relatif lebih sedikit.

### **Pemilihan Bobot Dan Bias Awal**

Bobot awal akan mempengaruhi apakah jaringan mencapai titik minimum lokal atau global, dan seberapa cepat konvergensinya (siang, 2009: 109).

Bobot yang menghasilkan nilai turunan aktivasi yang kecil sedapat mungkin dihindari karena akan menyebabkan perubahan bobotnya menjadi sangat kecil. Demikian pula nilai bobot awal tidak boleh terlalu besar karena nilai turunan fungsi aktivasinya menjadi sangat

kecil juga. Oleh karena itu dalam backpropagation, bobot dan bias diisi dengan bilangan acak kecil.

Biasanya bobot awal diinisialisasi secara random dengan nilai  $-0.5$  sampai  $0.5$  (atau  $-1$  sampai  $1$ ) (kusumadewi, 2004: 97). Tapi untuk inisialisasi bobot dan bias dari lapisan masukan ke lapisan tersembunyi Nguyen dan widrow (1990) mengusulkan cara sehingga menghasilkan iterasi lebih cepat (siang, 2009: 109-111).

Misal:  $n$  = jumlah unit masukan

$p$  = jumlah unit tersembunyi

$$\beta = \text{faktor skala} = 0.7 \sqrt[n]{p}$$

Algoritma inisialisasi Nguyen Widrow adalah sebagai berikut:

- a. Inisialisasi semua bobot ( $v_{ij}(\text{lama})$ ) dengan bilangan acak dalam interval  $[-0.5, 0.5]$ .

b. Hitung  $\|v_j\| = \sqrt{v_{j1}^2 + v_{j2}^2 + \dots + v_{jn}^2}$ .

c. Bobot yang dipakai sebagai inisialisasi =

$$v_{ji} = \frac{\beta v_{ji}(\text{lama})}{\|v_j\|}$$

d. Bias yang dipakai sebagai inisialisasi

$v_{j0}$  = bilangan acak antara  $-\beta$  dan  $\beta$ .

Contoh, akan dibuat bobot awal ke unit tersembunyi dengan Algoritma inisialisasi Nguyen Widrow. Pertama-tama dibuat inisialisasi semua bobot ke unit tersembunyi dengan bilangan acak  $[-0.5, 0.5]$ .

Tabel 2.3 Bobot dari Lapisan Masukan ke Lapisan Tersembunyi

	$z_1$	$z_2$	$z_3$
$x_1$	$v_{11} = 0.2$	$v_{21} = 0.3$	$v_{31} = -0.1$
$x_2$	$v_{12} = 0.3$	$v_{22} = 0.1$	$v_{32} = -0.1$
1	$v_{10} = -0.3$	$v_{20} = 0.3$	$v_{30} = 0.3$

$$\beta = 0.7 \sqrt[3]{3} = 1.212435565298214$$

$$\|v_1\| = \sqrt{v_{11}^2 + v_{12}^2} = \sqrt{0.2^2 + 0.3^2}$$

$$= 0.360555127546399$$

$$\|v_2\| = \sqrt{v_{21}^2 + v_{22}^2} = \sqrt{0.3^2 + 0.1^2}$$

$$= 0.316227766016838$$

$$\|v_3\| = \sqrt{v_{31}^2 + v_{32}^2} = \sqrt{(-0.1)^2 + (-0.1)^2}$$

$$= 0.141421356237310$$

Tabel 2.4 merupakan bobot yang dipakai sebagai inisialisasi

	$z_1$	$z_2$
$x_1$	$\left(\frac{\beta * v_{11}}{\ v_1\ }\right) = 0.672538$	$\left(\frac{\beta * v_{21}}{\ v_2\ }\right) = 1.150217370$
$x_2$	$\left(\frac{\beta * v_{12}}{\ v_1\ }\right) = 1.008807$	$\left(\frac{\beta * v_{22}}{\ v_2\ }\right) = 0.383405790$

1	$\left(\frac{\beta * v_{10}}{\ v_1\ }\right) = -1.0088$	$\left(\frac{\beta * v_{20}}{\ v_2\ }\right) = 1.150217370$
---	---	---

	$z_3$
$x_1$	$\left(\frac{\beta * v_{31}}{\ v_3\ }\right) = -0.857321409974109$
$x_2$	$\left(\frac{\beta * v_{31}}{\ v_3\ }\right) = -0.857321409974109$
1	$\left(\frac{\beta * v_{31}}{\ v_3\ }\right) = 2.571964229922327$

Bias yang dipakai adalah bilangan acak antara  $-1.212435565298214$  hingga  $1.212435565298214$ .

### A. Jumlah Unit Tersembunyi

Hasil teoritis yang didapat menunjukkan bahwa jaringan dengan sebuah lapisan tersembunyi sudah cukup bagi backpropagation untuk mengenali sembarang perkawanan antara masukan dan target dengan tingkat

ketelitian yang ditentukan (siang, 2009: 111). Akan tetapi penambahan jumlah lapisan tersembunyi kadangkala membuat pelatihan lebih mudah.

Jika jaringan memiliki lebih dari satu lapisan tersembunyi, maka algoritma pelatihan yang dijabarkan sebelumnya perlu direvisi. Dalam propagasi maju, keluaran harus dihitung untuk tiap lapisan, dimulai dari lapisan tersembunyi paling bawah (terdekat dengan masukan). Sebaliknya, dalam propagasi mundur, faktor  $\delta$  perlu dihitung untuk tiap lapisan tersembunyi, dimulai dari lapisan keluaran.

## **B. Jumlah Pola Pelatihan**

Tidak ada kepastian tentang berapa banyak pola yang diperlukan agar jaringan dapat dilatih dengan sempurna (siang, 2009: 111-112). Jumlah pola yang dibutuhkan dipengaruhi oleh banyaknya bobot dalam

jaringan serta tingkat akurasi yang diharapkan. Aturan kasarnya dapat ditentukan berdasarkan rumusan:

$$\text{Jumlah pola} = \frac{\text{jumlah bobot}}{\text{tingkat akurasi}}$$

Untuk jaringan dengan 80 bobot dan tingkat akurasi 0.1, maka 800 pola masukan diharapkan akan mampu mengenali dengan benar 90% pola diantaranya.

### **C. Lama Iterasi**

Tujuan utama penggunaan backpropagation adalah mendapatkan keseimbangan antara pengenalan pola pelatihan secara benar dan respon yang baik untuk pola lain yang sejenis (disebut data ppengujian) (siang, 2009: 112). Jaringan dapat dilatih terus menerus hingga semua pola pelatihan dikenali dengan benar. Akan tetapi hal itu tidak menjamin jaringan akan mampu mengenali pola



pengujian dengan tepat. Jadi tidaklah bermanfaat untuk meneruskan iterasi hingga semua kesalahan pola pelatihan = 0.

Umumnya data dibagi menjadi 2 bagian saling asing, yaitu pola data yang dipakai sebagai pelatihan dan pola data yang dipakai sebagai pengujian. Perubahan bobot dilakukan berdasarkan pola pelatihan. Akan tetapi selama pelatihan (misal setiap 10 epoh), kesalahan yang terjadi dihitung berdasarkan semua data (pelatihan dan pengujian). Selama kesalahan ini menurun, pelatihan terus dijalankan. Akan tetapi jika kesalahannya sudah meningkat, pelatihan tidak ada gunanya untuk diteruskan lagi. Jaringan sudah mulai mengambil sifat yang hanya dimiliki secara spesifik oleh data pelatihan (tapi tidak dimiliki oleh data

pengujian) dan sudah mulai kehilangan kemampuan melakukan generalisasi.

## 2.2 Persamaan linier

Suatu persamaan linier dengan variabel  $x_1, x_2, \dots, x_n$  mempunyai bentuk (purwanto, 2005: 10-12):

$$a_1x_1 + a_2x_2 + a_3x_3 + \dots + a_nx_n = d$$

Dengan  $a_1, a_2, \dots, a_n \in R$  adalah suatu koefisien-koefisien persamaan dan  $d \in R$  adalah suatu konstanta. Suatu  $n$ -tuple yakni pasangan berurutan yang terdiri dari  $n$  bilangan riil berikut:

$$\{s_1, s_2, s_3, \dots, s_n\} \in R$$

Merupakan himpunan dari sistem persamaan linier jika dilakukan penggantian bilangan

$s_1, s_2, s_3, \dots, s_n$  terhadap variabel-variabel yang ada, yaitu:

$$x_1 = s_1, x_2 = s_2, \dots, x_n = s_n$$

Sehingga memberikan pernyataan yang benar terhadap:

$$a_1s_1 + a_2s_2 + a_3s_3 + \dots + a_ns_n = d$$

Jadi, persamaan linier adalah persamaan dalam bentuk polinomial yang variabelnya berderajat satu atau nol, dan tidak terjadi perkalian antara variabelnya (operasi yang ada hanya penjumlahan atau pengurangan). Berikut ini diberikan contoh persamaan linier dengan tiga variabel  $x, y$  dan  $z$  kemudian  $p, q, r$  dan  $s$  adalah konstanta. Dan diberikan contoh juga yang bukan persamaan linier.

Tabel 2.5 Contoh persamaan linier dan yang bukan linier

Persamaan Linier	Bukan Persamaan Linier
------------------	------------------------

1 .	$x + 4y - z = 0$	1 .	$x + y^4 - z = 0$	
2 .	$\frac{1}{7}x - 5y + \frac{3}{2}z = \sqrt{7}$	2 .	$x^{\frac{4}{7}} - y^5 + z^{\frac{8}{2}} = \sqrt{7}$	
3 .	$p^2x + q^4y - (\sqrt{r})z + 6$	3 .	$4px^2 + qy^4 - r(\sqrt{z})$	$= 4s$

Dapat dilihat perbedaannya bahwa kolom pertama pada tabel semua variabelnya berderajat satu sedangkan pada kolom dua yang bukan persamaan linier, variabel-variabelnya ada yang tidak berderajat satu.

### 2.3 Sistem persamaan linier (SPL)

Suatu sistem persamaan linier merupakan kumpulan beberapa ataupun tak hingga banyaknya persamaan linier. Suatu sistem persamaan linier:

$$\begin{array}{ccccccc}
 a_{1,1} * x_1 + a_{1,2} * x_1 + a_{1,3} * x_1 & + \cdots + a_{1,n} * x_1 & = & d_1 \\
 a_{2,1} * x_2 + a_{2,2} * x_2 + a_{2,3} * a_2 & + \cdots + a_{2,n} * x_2 & = & d_2 \\
 \vdots & \dots & \vdots & \vdots
 \end{array}$$

$$a_{m,1} * x_n + a_{m,2} * x_1 + a_{m,3} * x_1 + \cdots + a_{m,n} * x_n = d_m$$

Mempunyai penyelesaian  $(s_1, s_2, s_3, \dots, s_n)$  jika  $n$ -tuple tersebut merupakan penyelesaian dari semua persamaan yang ada dalam sistem.

Setiap sistem persamaan linier mungkin tidak mempunyai penyelesaian, mempunyai tepat satu penyelesaian, atau mungkin tak hingga banyaknya penyelesaian (anton, 2000: 20). Contohnya adalah pasangan berurutan  $(1, -1)$  merupakan penyelesaian dari sistem persamaan linier (2.34) dengan dua variabel  $x$  dan  $y$  (purwanto, 2005: 12-13):

$$\begin{aligned} 2x - 3y &= 5 \\ -x + 2y &= -3 \end{aligned} \tag{2.34}$$

Kemudian disubstitusikan  $x = 1$  dan  $y = -1$  ke sistem persamaan linier (3.1), menjadi seperti berikut:

$$2(1) - 3(-1) = 5$$

$$-(1) + 2(-1) = -3$$

Karena  $(1,-1)$  memenuhi , maka dikatakan bahwa  $(1,-1)$  merupakan himpunan penyelesaian dari sistem persamaan linier tersebut. Dan  $(1,-1)$  merupakan satu-satunya penyelesaian pada SPL (2.34). Karena SPL (2.34) hanya memiliki satu penyelesaian maka disebut SPL yang mempunyai penyelesaian tepat satu penyelesaian.

Kemudian ada SPL (2.35) dibawah ini.

$$\begin{aligned} x + 3y &= 2 \\ 2x + 6y &= 4 \end{aligned} \tag{2.35}$$

Untuk SPL (2.35) ini akan banyak ditemukan solusi yang memenuhi SPL (2.35) diatas, diantaranya  $(2,0)$ ,  $(5,-1)$ ,  $(8,-2)$  dan  $(-1,1)$ . Dan masih banyak lagi penyelesaian yang bisa ditemukan, sehingga SPL

2.35) ini disebut SPL yang mempunyai tak-hingga banyaknya penyelesaian.

Berbeda dengan SPL (2.36) dibawah ini.

$$\begin{aligned}x + 3y &= 2 \\ 2x + 6y &= 1\end{aligned}\tag{2.36}$$

Untuk SPL (2.36) ini tidak memiliki penyelesaian yang bisa memenuhi. Bila kita coba dengan pasangan berurutan (1,-1), maka akan menjadi:

$$\begin{aligned}1 + 3(-1) &= 2 \\ 2(1) + 6(-1) &\neq 1\end{aligned}$$

Sehingga SPL (2.36) disebut sebagai SPL yang tidak mempunyai penyelesaian.

## **BAB V**

### **KESIMPULAN DAN SARAN**

#### **5.1. Kesimpulan**

1. Terdapat pola khas spektra FTIR turunan kedua kulit, kikil dan rambak sapi dan babi yang berada pada bilangan gelombang:  $890\text{-}940\text{ cm}^{-1}$ ,  $940\text{-}990\text{ cm}^{-1}$ ,  $1040\text{-}1090\text{ cm}^{-1}$ ,  $1200\text{ cm}^{-1}$ , dan  $2870\text{ cm}^{-1}$ .
2. Spektra khas diduga berada pada daerah vibrasi yang terkait dengan gugus sulfida serta stretching metil, akibat lingkungan yang berbeda.

#### **5.2. Saran**

1. Perlu dilakukan uji turunan kedua spektra dengan scan yang lebih tinggi untuk menghindari noise.



## DAFTAR PUSTAKA

- Apriyantono, Anton, 2009, **Masalah Halal: Kaitan Antara Syar'i, Teknologi dan Sertifikasi**, [http://www.indohalal.com/doc\\_halal2.html](http://www.indohalal.com/doc_halal2.html).
- Astawan, M., 2004, **Mengapa Kita Perlu Makan Daging?**, Kompas Cyber Media, Jumat, 7 Mei 2004.
- Badan Ketahanan Pangan Propinsi Sumatera Utara, 2009, **Bahan Makanan Sumber Protein Hewani**, Badan Ketahanan Pangan - Bahan Makanan Sumber Protein Hewani.mht.
- Barroroh, H., 2009, **Identifikasi Pola Spektra Infra Merah Khas protein Daging Sapi dan Babi Menggunakan Metode *Second Derivative* (2D)**, Laporan Penelitian, Lemlitbang UIN Malang.
- Boes, E., 2000, **Analisis Protein Daging Babi Tercampur Daging Sapi Secara Kromatografi Cair Kinerja Tinggi (KCKT) dan Secara Elektroforesis**, Tesis Magister Kimia, ITB Central Library.
- Brisdon, A.K., 1998, **Inorganic Spectroscopic Methods**, New York: Oxford University Press Inc.
- Hayati, E. K., 2007, **Dasar - Dasar Analisis Spektroskopi**, Malang: Kantor Jaminan Mutu Universitas Islam Negeri Malang.

Jaswir, Irwandi, 2006, **Metode Cepat Analisa Lemak Babi dengan FTIR**, [www.beritaiptek.com](http://www.beritaiptek.com).

Khopkar, S.M, 1990, **Konsep Dasar Kimia Analitik**, UI-press, Jakarta.

Lehninger, A.L., 1982, **Dasar-dasar Biokimia**, Jilid I, Alih bahasa Thenawidjadja M., Erlangga, Jakarta.

M. M. Mossoba, J. K. G. Kramer, V. Milosevic, M. Milosevic and H. Azizian, 2007, **Interference of Saturated Fats in the Determination of Low Levels of *trans* Fats (below 0.5%) by Infrared Spectroscopy**, Journal of the American Oil Chemists' Society, Volume 84, Number 4 / April, 339-342.

Matsjeh, S.;Ratmoko, S, 2001, **Penentuan kadar lemak Babi dalam lemak sapi menggunakan spektrofotometri infra merah dan kromatografi gas cair**, Prosiding seminar nasional kimia, Universitas Islam Indonesia, Yogyakarta.

Page, D.S., 1997, **Prinsip-Prinsip Biokimia**, edisis kedua diterjemahkan oleh R. Soendoro, Erlangga: Surabaya.

Poejiadi, A., 1994, **Dasar-dasar Biokimia**, UI Press; Jakarta.

Purwaningsih, A., 2007, **Identifikasi Protein Daging Sapi Dan Babi Dengan Elektroforesis Gel Poliakrilamid-Sodium Dodesil Sulfat (Sds-Page)**, ADLN Digital Collections, /[Top](#) / [Unair Thesis / Ilmu Farmasi / jiptunair-gdl-s3-2005-purwanings-1625](#).

Sastrohamidjojo, H, 1992, **Spektroskopi Inframerah**, Yogyakarta: Liberty.

Socrates, G., 1994, **Infrared Characteristic Group Frequencies**, Chicester, New York, Brisbane, Toronto.

Stephen R. Delwiche, Lester O. Pordesimo, Dilip R. Panthee and Vincent R. Pantalone, 2007, **Assessing Glycinin (11S) and  $\beta$ -Conglycinin (7S) Fractions of Soybean Storage Protein by Near-Infrared Spectroscopy**, Volume 84, Number 12 / December, 1107-1115.

Sumarno, 1995, **Analisis beberapa lemak hewani dengan kromatografi gas spektrometer massa = Mass Spectrometric Analysis of Animals Fats**, Majalah Farmasi Indonesia, 1995, VI(4), Inherent Digital library.

Sumartini, Sri, 2002, **Analisa Lemak Babi dalam makanan dengan GCMSMS, Database Riset IPTEK**,  
<http://www.dbripteke.ristek.go.id/cgi/penjaga.cgi?datalembaga&997523548>.

Susanto E., 2005, **Identifikasi Pencampuran Daging Dalam Baso**, Republika, Jumat, 28 Oktober 2005, ( [halalmui.or.id/Republika](http://halalmui.or.id/Republika) ).

Underwood A. L. & Day, R.A., 2002, **Analisis Kimia Kuantitatif**, alih bahasa sopyan, Erlangga, Jakarta.

Wirahadikusumah, M, 1997, Biokimia; Protein, Enzim,